

Analisis Model VSIQR pada Penyebaran COVID-19 di Indonesia

Dia Ayu Nazihah^{1,*}, Toto Nusantara¹

¹*Jurusan Matematika, Universitas Negeri Malang, Jalan Semarang No 5 Malang*

*Corresponding author: dia.ayu.1803126@students.um.ac.id

Abstrak

*Coronavirus disease 2019 (COVID-19) merupakan penyakit menular dari novel coronavirus SARSCoV-2. COVID-19 dapat menyebabkan gejala ringan pada sistem pernapasan seperti flu, infeksi saluran pernapasan yang berat seperti pneumonia, hingga kematian. Hingga 17 maret 2021, pemerintah Republik Indonesia telah melaporkan 1.437.283 orang terkonfirmasi covid-19. Terdapat 38.915 kematian dan 1.266.673 pasien pulih dari penyakit tersebut. Penularan COVID-19 dapat dihambat dengan mengetahui penyebaran penyakit tersebut. Suatu penyebaran penyakit dapat diketahui melalui pemodelan. Penyebaran suatu penyakit dimodelkan secara matematis dengan sistem persamaan diferensial yang menyatakan laju perubahan populasi terhadap waktu. Penelitian ini memiliki tujuan menganalisis model matematis penyebaran COVID-19 yang berupa sistem persamaan diferensial dengan membagi populasi manusia menjadi lima subpopulasi terdiri dari subpopulasi individu *vaccinated, susceptible, infected, quarantined* dan *recovered* (model VSIQR). Analisis model dilakukan dengan menentukan titik ekuilibrium, bilangan reproduksi dasar, menganalisa kestabilan titik ekuilibrium dan simulasi numerik model dengan *software* maple 18 menggunakan data kuantitatif dari berbagai sumber. Menurut analisis yang telah dilakukan, diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik keseimbangan endemi. Titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik jika $R_0 < 1$. Menggunakan data penyebaran COVID-19 di Indonesia, didapatkan nilai $R_0 = 0.19 < 1$ yang menunjukkan bahwa model stabil asimtotik menuju titik ekuilibrium bebas penyakit dan penyebaran COVID-19 di Indonesia akan berhenti seiring berjalannya waktu.*

Kata kunci: Pemodelan; COVID-19; Titik Ekuilibrium; Bilangan Reproduksi Dasar; Kestabilan

Abstract

Coronavirus disease 2019 (COVID-19) is an infectious disease of the novel coronavirus SARSCoV-2. COVID-19 can cause mild symptoms in the respiratory system such as flu, severe respiratory infections such as pneumonia, to death. As of March 17, 2021, the government of the Republic of Indonesia has reported 1,437,283 confirmed COVID-19 cases. There were 38,915 deaths and 1,266,673 patients recovered from the disease. The transmission of COVID-19 can be inhibited by knowing the spread of the disease. A disease spread can be known through modeling. The spread of a disease is modeled mathematically with a system of differential equations that expresses the rate of change of the population with time. This study aims to analyze the mathematical model of the spread of COVID-19 in the form of a system of differential equations by dividing the human population into five subpopulations consisting of subpopulations of vaccinated, susceptible, infected, quarantined and recovered individual (VSIQR model). Analysis of the model is carried out by determining the

equilibrium point, basic reproduction number, analyzing the stability of the equilibrium point and numerical simulation of the model with maple 18 software using quantitative data from various sources. According to the analysis that has been done, a disease-free equilibrium point and an endemic equilibrium point are obtained. The disease-free equilibrium point is asymptotically stable if $R_0 < 1$. Using data on the spread of COVID-19 in Indonesia, the value of $R_0 = 0.19 < 1$ indicates that the model is asymptotically stable towards a disease-free equilibrium point and the spread of COVID-19 in Indonesia will stop over time.

Keywords: Modeling; COVID-19; Equilibrium Point; Basic Reproduction Number; Stability

1. PENDAHULUAN

Coronavirus disease 2019 (COVID-19) merupakan penyakit menular dari *novel coronavirus* SARS-CoV-2. Terdapat tujuh subtype virus corona yang bisa menginfeksi manusia, dua di antaranya *beta-coronavirus* yang mengakibatkan penyakit dan kematian, serta *alpha-coronavirus* yang menimbulkan infeksi tanpa indikasi atau indikasi ringan. Indikasi awal penyakit terkait COVID-19 adalah pneumonia. Gejala COVID-19 pada pasien simptomatik terdiri dari demam, batuk, hidung tersumbat, kelelahan dan gejala lain dari saluran pernapasan atas. Infeksi dapat berkembang menjadi penyakit berat dengan gangguan pernapasan parah yang berhubungan dengan pneumonia. (Velavan & Meyer, 2020).

Wabah COVID-19 telah merebak ke banyak negara yang semula berpusat di Provinsi Hubei, Republik Rakyat Cina (Velavan & Meyer, 2020). Indonesia menjadi salah satu negara yang terpapar COVID-19. Hingga 17 Maret 2021, pemerintah Republik Indonesia telah melaporkan 1.437.283 orang terkonfirmasi COVID-19. Terdapat 38.915 kematian dan 1.266.673 pasien pulih dari penyakit tersebut. World Health Organization (2020) menyatakan bahwa penularan COVID-19 dapat dihambat dengan mengetahui bagaimana penyebaran penyakit ini.

Suatu penyebaran penyakit dapat diketahui melalui pemodelan matematika. Pemodelan matematika merupakan penyajian pola yang rumit dalam bentuk model matematika (Ndi, 2018). Pemodelan matematika mengilustrasikan persoalan dunia nyata dengan menerjemahkan persoalan tersebut ke dalam bentuk matematis. Interpretasi solusi dari bentuk matematis diimplementasikan untuk menyelesaikan persoalan tersebut (Banerjee, 2021). Menurut Ndi (2018), formulasi model matematika dapat menjelaskan situasi kompleks yang sedang diamati.

Penyebaran suatu penyakit dimodelkan secara matematis dengan sistem persamaan diferensial yang menyatakan laju perubahan populasi terhadap waktu. Model penularan penyakit telah menjadi topik penelitian sejak proposisi yang dikemukakan oleh Kermack dan McKendrick, yaitu model dinamik yang

mengklasifikasikan individu dalam suatu populasi sebagai *Susceptible - Infected - Recovered* (SIR) (Batistela, dkk., 2020). *Susceptible* mewakili banyak individu rentan yang mudah tertular penyakit. *Infected* adalah banyak individu yang terjangkit penyakit dan *recovered* adalah kelompok individu yang pulih (Annas, dkk., 2020).

Penelitian lebih lanjut banyak melakukan modifikasi terhadap model SIR dengan penambahan kompartmen populasi, seperti penelitian oleh Annas et al. (2020) yang menambahkan kompartmen *exposed* pada model SIR penyebaran COVID-19 sehingga diperoleh model SEIR. Penelitian oleh Hussain, dkk. (2021) yang mengkaji pemodelan matematika pada penyebaran COVID-19 dengan menambahkan kompartmen *exposed* dan *quarantine* pada model SIR. Selain itu, Tuteja (2020) juga melakukan modifikasi model SIR dengan menambah klasifikasi *exposed* dan *vaccinated* pada penyebaran COVID-19, sehingga diperoleh model SVEIR. Fosu, dkk. (2020) juga membangun model penularan COVID-19 dengan menambah kompartmen *vaccinated* dan *quarantined* pada model SIR namun tidak dilakukan analisis pada model tersebut. Sehingga dengan adanya penelitian-penelitian tersebut, penulis melakukan analisis kestabilan model matematika VSIQR pada penyebaran COVID-19 dengan tambahan faktor dua kali vaksin. Menurut analisis yang dilakukan, diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik keseimbangan endemi. Titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik jika $R_0 < 1$. Menggunakan data penyebaran COVID-19 di Indonesia, didapatkan nilai $R_0 = 0.19 < 1$ yang menunjukkan bahwa model stabil asimtotik menuju titik ekuilibrium bebas penyakit dan penyebaran COVID-19 di Indonesia akan berhenti seiring berjalannya waktu.

Model VSIQR penyebaran COVID-19 membagi populasi manusia menjadi lima subpopulasi yang terdiri dari subpopulasi *vaccinated*, *susceptible*, *infected*, *quarantined*, dan *recovered* dengan tambahan faktor dua kali vaksin. Adanya dua kali vaksin dan karantina ini diharapkan dapat mengurangi pertumbuhan kasus terinfeksi COVID-19.

2. METODE

Penelitian model matematika VSIQR pada penyebaran COVID-19 dilakukan dengan metode kajian teori atau studi literatur. Penelitian dilakukan dengan mengkaji literatur yang membahas pemodelan matematika penyebaran penyakit. Model dibentuk dengan menambahkan faktor dua kali vaksin pada model SIR dengan vaksin dan karantina yang dikaji dalam artikel *Construction of Compartmental Models for COVID-19 with Quarantine, Lockdown and Vaccine Interventions* yang ditulis oleh Fosu, dkk. (2020). Model dianalisis dengan menentukan titik ekuilibrium, bilangan reproduksi dasar dan analisis kestabilan titik ekuilibrium. Titik

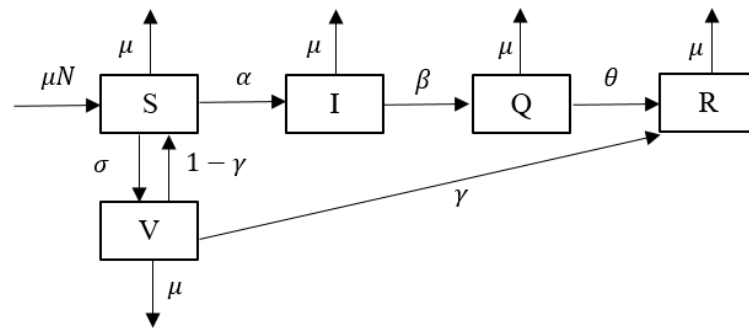
ekuilibrium dihasilkan dengan menyelesaikan sistem persamaan diferensial yang disamadengankan nol (Neuhauser & Roper, 2018). Bilangan reproduksi dasar ditentukan dengan metode *next generation matrix* (Roudhotillah & Chandra, 2021). Kestabilan titik ekuilibrium dianalisis menggunakan nilai eigen persamaan karakteristik matriks Jacobi dan kriteria Routh-Hurwitz (Ndi, 2018). Nilai parameter dan nilai awal masing-masing subpopulasi dalam model diestimasi menggunakan data sekunder yang diperoleh dari laman penyebaran Covid-19 di Indonesia covid19.go.id, laman <https://vaksin.kemkes.go.id>, data hasil sensus penduduk 2020, data proyeksi populasi penduduk Indonesia 2010 – 2035 dan artikel *Epidemiological parameter review and comparative dynamics of influenza, respiratory syncytial virus, rhinovirus, human coronavirus, and adenovirus* yang ditulis oleh Spencer, dkk. (2020). Data yang diambil berupa data jumlah penduduk Indonesia, data jumlah penduduk rentan, jumlah penduduk terinfeksi, jumlah penduduk yang menerima vaksin, jumlah penduduk sembuh terhadap COVID-19, angka harapan hidup, masa inkubasi dan masa infeksi COVID-19. Model disimulasikan secara numerik menggunakan nilai parameter dan nilai awal yang telah diestimasi dengan bantuan *software* Maple 18. Simulasi numerik model berguna untuk memprediksi jumlah individu dalam masing-masing subpopulasi.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Model VSIQR membagi populasi manusia menjadi lima subpopulasi yang terdiri dari subpopulasi ter vaksin atau *vaccinated* (V), subpopulasi rentan atau *susceptible* (S), subpopulasi terinfeksi atau *infected* (I), subpopulasi terkarantina atau *quarantined* (Q) dan subpopulasi sembuh atau *recovered* (R). Model VSIQR dibentuk dari model SIR dengan vaksin dan karantina, yang bersumber pada artikel yang ditulis oleh Fosu, dkk. (2020) yang kemudian ditambahkan faktor dua kali vaksin. Individu rentan yang menerima vaksin pertama sebesar σS akan berpindah ke subpopulasi *vaccinated*. Individu dalam subpopulasi *vaccinated* yang tidak menerima vaksin lengkap sebesar $(1 - \gamma)V$ dapat kembali ke subpopulasi *susceptible*. Dan individu dalam subpopulasi *vaccinated* yang telah menerima vaksin lengkap sebesar γV akan berpindah ke subpopulasi *recovered*.

Perubahan yang terjadi pada masing-masing subpopulasi dalam penyebaran COVID-19 dapat digambarkan dalam diagram aliran populasi. Diagram aliran populasi penyebaran COVID-19 model VSIQR

diperlihatkan dalam Gambar 1. Gambar 1 di bawah disusun berdasarkan model yang ditulis Fosu, dkk. (2020) dan Rahayu & Nusantara (2019).



Gambar 1. Diagram aliran populasi model VSIQR

Variabel dan parameter model didefinisikan dalam Tabel 1

Tabel 1. Definisi Variabel dan Parameter

Variabel/Parameter	Definisi
N	Banyak individu dalam populasi
V	Banyak individu tervaksin
S	Banyak individu rentan
I	Banyak individu terinfeksi
Q	Banyak individu terkarantina
R	Banyak Individu sembuh
μ	Laju kelahiran/kematian alami populasi
α	Laju transisi individu dari <i>susceptible</i> ke <i>infected</i>
β	Proporsi individu yang melakukan karantina
θ	Laju transisi individu dari <i>quarantined</i> ke <i>recovered</i>
σ	Proporsi individu yang menerima vaksin satu kali
γ	Proporsi individu yang menerima vaksin dua kali

Berdasarkan diagram aliran populasi model VSIQR pada Gambar 1 diperoleh sistem persamaan diferensial sebagai berikut

$$\frac{dV}{dt} = \sigma S - (1 + \mu)V \quad (4) \text{ (Rahayu \& Nusantarao, 2019)}$$

$$\frac{dS}{dt} = \mu N + (1 - \gamma)V - \sigma S - \alpha SI - \mu S \quad (5) \text{ (Fosu, dkk., 2020; Rahayu \& Nusantara, 2019)}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I - \mu I \quad (6) \text{ (Fosu, dkk., 2020)}$$

$$\frac{dQ}{dt} = \beta I - \theta Q - \mu Q \quad (7) \text{ (Fosu, dkk., 2020)}$$

$$\frac{dR}{dt} = \theta Q + \gamma V - \mu R \quad (8) \text{ (Fosu, dkk., 2020; Rahayu & Nusantara, 2019)}$$

$$V(t) \geq 0, S(t) \geq 0, I(t) \geq 0, Q(t) \geq 0, R(t) \geq 0$$

dengan $N = V + S + I + Q + R$. Oleh karena itu

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dV}{dt} + \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dQ}{dt} + \frac{dR}{dt}. \text{ Substitusi (4) – (8) terhadap turunan total ini menghasilkan}$$

$$\frac{dN}{dt} = \sigma S - V - \mu V + \mu(V + S + I + Q + R) + V - \gamma V - \sigma S - \alpha SI - \mu S + \alpha SI - \beta I - \mu I + \beta I - \theta Q - \mu Q +$$

$$\theta Q + \gamma V - \mu R = 0. \text{ Dengan demikian } \frac{dN}{dt} = 0, \text{ sehingga } N(t) = C, \text{ dengan } C \text{ adalah suatu konstanta. Ini}$$

menunjukkan bahwa $N(t)$ konstan.

Untuk memudahkan analisis, persamaan (4) – (8) dapat disederhanakan dalam bentuk model non-dimensional dengan menyatakan proporsi banyak individu dalam masing-masing subpopulasi sebagai

$$v = \frac{V}{N}; s = \frac{S}{N}; i = \frac{I}{N}; q = \frac{Q}{N}; r = \frac{R}{N} \quad (9) \text{ (Bakare, dkk., 2014).}$$

Dari Persamaan (9) diperoleh

$$v + s + i + q + r = \frac{V}{N} + \frac{S}{N} + \frac{I}{N} + \frac{Q}{N} + \frac{R}{N} = 1$$

Hal ini sesuai dengan

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}(v + s + i + q + r) &= \frac{dv}{dt} + \frac{ds}{dt} + \frac{di}{dt} + \frac{dq}{dt} + \frac{dr}{dt} \\ &= \sigma s - v - \mu v + \mu + v - \gamma v - \sigma s - \alpha si - \mu s + \alpha si - \beta i - \mu i + \beta i - \theta q - \\ &\quad \mu q + \theta q + \gamma v - \mu r \\ &= \mu - \mu v - \mu s - \mu i - \mu q - \mu r \\ &= \mu - \mu(v + s + i + q + r) = \mu - \mu = 0 \end{aligned}$$

Sehingga Persamaan (4) – (8) dapat ditulis sebagai berikut

$$\frac{dv}{dt} = \sigma s - (1 + \mu)v \quad (10)$$

$$\frac{ds}{dt} = \mu + (1 - \gamma)v - \sigma s - \alpha si - \mu s \quad (11)$$

$$\frac{di}{dt} = \alpha si - \beta i - \mu i \quad (12)$$

$$\frac{dq}{dt} = \beta i - \theta q - \mu q \quad (13)$$

$$\frac{dr}{dt} = \theta q + \gamma v - \mu r \quad (14)$$

$$v(t) \geq 0, s(t) \geq 0, i(t) \geq 0, q(t) \geq 0, r(t) \geq 0$$

Kestabilan suatu model dianalisis melalui kestabilan titik ekuilibrium dan bilangan reproduksi dasar.

Titik ekuilibrium model VSIQR dihasilkan dengan menentukan titik $E = (v, s, i, q, r)$ dimana persamaan (10) – (14) sama dengan nol atau

$$\frac{dv}{dt} = \sigma s - (1 + \mu)v = 0 \quad (15)$$

$$\frac{ds}{dt} = \mu + (1 - \gamma)v - \sigma s - \alpha si - \mu s = 0 \quad (16)$$

$$\frac{di}{dt} = \alpha si - \beta i - \mu i = 0 \quad (17)$$

$$\frac{dq}{dt} = \beta i - \theta q - \mu q = 0 \quad (18)$$

$$\frac{dr}{dt} = \theta q + \gamma v - \mu r = 0 \quad (19)$$

Titik ekuilibrium bebas penyakit merupakan kondisi saat tidak terdapat penyebaran COVID-19, yaitu jika $i = 0$ (Annas, dkk., 2020). Menggunakan Persamaan (15) – (19) dan $i = 0$ didapatkan titik ekuilibrium bebas penyakit

$$E_0 = (v, s, i, q, r) = \left(\frac{-\mu\sigma}{\varphi}, \frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi}, 0, 0, \frac{-\sigma\gamma}{\varphi} \right)$$

dengan $\varphi = (1 - \gamma)\sigma - (\sigma + \mu)(1 + \mu)$.

Perhatikan bahwa $\gamma, \sigma, \mu > 0$ maka $(1 - \gamma) < 1$ sehingga

$(1 - \gamma)\sigma < \sigma + \sigma\mu + \mu + \mu^2 = (\sigma + \mu)(1 + \mu)$, diperoleh $(1 - \gamma)\sigma - (\sigma + \mu)(1 + \mu) < 0$ sehingga disimpulkan $\varphi < 0$.

Perhatikan bahwa $\gamma, \sigma, \mu > 0$ maka $-\mu\sigma < 0, -\mu(1 + \mu) < 0, -\sigma\gamma < 0$ dan karena $\varphi < 0$ diperoleh

$$v = \frac{-\mu\sigma}{\varphi} > 0, s = \frac{-\mu(1 + \mu)}{\varphi} > 0, r = \frac{-\sigma\gamma}{\varphi} > 0$$

Sehingga titik ekuilibrium bebas penyakit

$$E_0 = (v, s, i, q, r) = \left(\frac{-\mu\sigma}{\varphi}, \frac{-\mu(1 + \mu)}{\varphi}, 0, 0, \frac{-\sigma\gamma}{\varphi} \right) \geq (0, 0, 0, 0, 0)$$

Titik ekuilibrium endemi berguna untuk mengindikasikan kemungkinan terjadinya penyebaran penyakit. Karena kondisi penyebaran penyakit, maka populasi $i \neq 0$ (Annas, dkk., 2020). Menggunakan Persamaan (15) – (19) dan $i \neq 0$ didapatkan titik ekuilibrium endemi

$$E^* = v^*, s^*, i^*, q^*, r^*$$

dimana

$$v^* = \frac{\sigma(\beta + \mu)}{(1 + \mu)\alpha}$$

$$s^* = \frac{\beta + \mu}{\alpha}$$

$$i^* = \frac{(1 + \mu)\mu\alpha + (\beta + \mu)\varphi}{(1 + \mu)(\beta + \mu)\alpha}$$

$$q^* = \frac{\beta((1 + \mu)\mu\alpha + (\beta + \mu)\varphi)}{(\theta + \mu)(1 + \mu)(\beta + \mu)\alpha}$$

$$r^* = \frac{\theta\beta((1 + \mu)\mu\alpha + (\beta + \mu)\varphi) + \gamma\sigma(\beta + \mu)(\theta + \mu)(\beta + \mu)}{(\theta + \mu)(1 + \mu)(\beta + \mu)\alpha\mu}$$

dengan $\varphi = (1 - \gamma)\sigma - (\sigma + \mu)(1 + \mu)$

Bilangan reproduksi dasar dari model VSIQR ditentukan dengan membagi subpopulasi yang hanya memuat individu dalam fase terinfeksi. Pada model SVIQR, dua subpopulasi yang dapat menyebabkan infeksi adalah subpopulasi *infected* dan *quarantined*. Sehingga dibentuk matriks Jacobi dari persamaan (12) dan (13).

Didefinisikan

$$m(v, s, i, q, r) = \alpha s i - \beta i - \mu i$$

$$n(v, s, i, q, r) = \beta i - \theta q - \mu q$$

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial m}{\partial i} & \frac{\partial m}{\partial q} \\ \frac{\partial n}{\partial i} & \frac{\partial n}{\partial q} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \alpha s - (\beta + \mu) & 0 \\ \beta & -(\theta + \mu) \end{bmatrix}$$

Dinyatakan matriks Jacobi di atas dalam bentuk pengurangan matriks \mathcal{F} dan matriks \mathcal{V} dimana matriks \mathcal{F} mewakili tingkat kemunculan infeksi baru di kompartmen i sedangkan matriks \mathcal{V} menyatakan laju perpindahan individu terinfeksi keluar dari kompartmen i dan q dikurangi dengan laju perpindahan individu terinfeksi masuk kompartmen q (Hartati, 2021). Sehingga

$$J = \mathcal{F} - \mathcal{V} \text{ dengan } \mathcal{F} = \begin{bmatrix} \alpha s & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } \mathcal{V} = \begin{bmatrix} (\beta + \mu) & 0 \\ -\beta & (\theta + \mu) \end{bmatrix}$$

Didefinisikan matriks *next generation* $K = \mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$ sebagai berikut

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\alpha s}{(\beta + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Disubstitusikan titik ekuilibrium bebas penyakit ke dalam matriks K

$$K = \mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{-\alpha\mu(1 + \mu)}{\varphi(\beta + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Ditentukan nilai eigen dari persamaan karakteristik $\det(\lambda I - K) = 0$

$$\begin{vmatrix} \lambda - \frac{-\alpha\mu(1+\mu)}{\varphi(\beta+\mu)} & 0 \\ 0 & \lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$\lambda \left(\lambda - \frac{-\alpha\mu(1+\mu)}{\varphi(\beta+\mu)} \right) = 0$$

sehingga $\lambda_1 = 0, \lambda_2 = \frac{-\alpha\mu(1+\mu)}{\varphi(\beta+\mu)}$. Nilai bilangan reproduksi dasar dihasilkan dari nilai eigen terbesar sehingga

$$R_0 = \lambda_2 = \frac{-\alpha\mu(1+\mu)}{\varphi(\beta+\mu)} \text{ dengan } \varphi = (1-\gamma)\sigma - (\sigma+\mu)(1+\mu)$$

Perhatikan bahwa $\varphi < 0$, dan karena $\alpha, \beta, \mu > 0$ maka $-\alpha\mu(1+\mu) < 0$ dan $\varphi(\beta+\mu) < 0$ sehingga

$$R_0 = \frac{-\alpha\mu(1+\mu)}{\varphi(\beta+\mu)} > 0 \tag{20}$$

Untuk melakukan analisis kestabilan pada model VSIQR, maka perlu menemukan matriks Jacobi dari Persamaan (10) – (14). Didefinisikan

$$f(v, s, i, q, r) = \sigma s - (1 + \mu)v$$

$$g(v, s, i, q, r) = \mu + (1 - \gamma)v - \sigma s - \alpha si - \mu s$$

$$h(v, s, i, q, r) = \alpha si - \beta i - \mu i$$

$$j(v, s, i, q, r) = \beta i - \theta q - \mu q$$

$$k(v, s, i, q, r) = \theta q + \gamma v - \mu r$$

sehingga

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f}{\partial v} & \frac{\partial f}{\partial s} & \frac{\partial f}{\partial i} & \frac{\partial f}{\partial q} & \frac{\partial f}{\partial r} \\ \frac{\partial g}{\partial v} & \frac{\partial g}{\partial s} & \frac{\partial g}{\partial i} & \frac{\partial g}{\partial q} & \frac{\partial g}{\partial r} \\ \frac{\partial h}{\partial v} & \frac{\partial h}{\partial s} & \frac{\partial h}{\partial i} & \frac{\partial h}{\partial q} & \frac{\partial h}{\partial r} \\ \frac{\partial j}{\partial v} & \frac{\partial j}{\partial s} & \frac{\partial j}{\partial i} & \frac{\partial j}{\partial q} & \frac{\partial j}{\partial r} \\ \frac{\partial k}{\partial v} & \frac{\partial k}{\partial s} & \frac{\partial k}{\partial i} & \frac{\partial k}{\partial q} & \frac{\partial k}{\partial r} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -(1+\mu) & \sigma & 0 & 0 & 0 \\ (1-\gamma) & -(\sigma + \alpha i + \mu) & -\alpha s & 0 & 0 \\ 0 & \alpha i & \alpha s - \beta - \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta & -\theta - \mu & 0 \\ \gamma & 0 & 0 & \theta & -\mu \end{bmatrix}$$

Disubstitusikan titik ekuilibrium bebas penyakit $E_0 = (v_0, s_0, i_0, q_0, r_0) = \left(\frac{-\mu\sigma}{\varphi}, \frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi}, 0, 0, \frac{-\sigma\gamma}{\varphi} \right)$

dengan $\varphi = (1-\gamma)\sigma - (\sigma+\mu)(1+\mu)$ ke dalam matriks jacobi sehingga diperoleh matriks jacobi saat titik ekuilibrium bebas penyakit sebagai berikut.

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -(1+\mu) & \sigma & 0 & 0 & 0 \\ (1-\gamma) & -(\sigma + \alpha i_0 + \mu) & -\alpha s_0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha i_0 & \alpha s_0 - \beta - \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta & -\theta - \mu & 0 \\ \gamma & 0 & 0 & \theta & -\mu \end{bmatrix}$$

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -(1+\mu) & \sigma & 0 & 0 & 0 \\ (1-\gamma) & -(\sigma+\mu) & -\alpha\left(\frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi}\right) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha\left(\frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi}\right) - \beta - \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta & -\theta - \mu & 0 \\ \gamma & 0 & 0 & \theta & -\mu \end{bmatrix}$$

Dimisalkan

$$a = -(1 + \mu)$$

$$b = (1 - \gamma)$$

$$c = \gamma$$

$$d = \sigma$$

$$e = -(\sigma + \mu)$$

$$f = -\alpha\left(\frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi}\right) = -\alpha\frac{-\mu(1+\mu)}{(1-\gamma)\sigma - (\sigma+\mu)(1+\mu)}$$

$$g = \alpha\left(\frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi}\right) - \beta - \mu = \alpha\frac{-\mu(1+\mu)}{(1-\gamma)\sigma - (\sigma+\mu)(1+\mu)} - \beta - \mu$$

$$h = \beta$$

$$i = -\theta - \mu$$

$$j = \theta$$

$$k = -\mu$$

Maka

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} a & d & 0 & 0 & 0 \\ b & e & f & 0 & 0 \\ 0 & 0 & g & 0 & 0 \\ 0 & 0 & h & i & 0 \\ c & 0 & 0 & j & k \end{bmatrix}$$

Bentuk matriks $J(E_0)$ dalam persamaan karakteristik $\det(J(E_0) - \lambda I) = 0$

$$\begin{vmatrix} a - \lambda & d & 0 & 0 & 0 \\ b & e - \lambda & f & 0 & 0 \\ 0 & 0 & g - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & h & i - \lambda & 0 \\ c & 0 & 0 & j & k - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Diperoleh persamaan karakteristik

$$(k - \lambda)(i - \lambda)(g - \lambda)(\lambda^2 + (-a - e)\lambda - bd + ae) = 0 \quad (21)$$

Dari persamaan (21) didapatkan nilai eigen λ

$$\lambda_1 = k = -\mu$$

$$\lambda_2 = i = -\theta - \mu$$

$$\lambda_3 = g = \alpha \left(\frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi} \right) - \beta - \mu$$

Sisanya adalah persamaan

$$\lambda^2 + (-a - e)\lambda - bd + ae \tag{22}$$

Dimisalkan $\lambda^2 + (-a - e)\lambda - bd + ae = \lambda^2 + z_1\lambda + z_2$ (Ndii, 2018).

$$\text{Maka } z_1 = -a - e, z_2 = -bd + ae$$

Didefinisikan matriks Routh-Hurwitz menggunakan koefisien z_1 dan z_2 dari persamaan (22)

$$H_1 = [z_1], \quad H_2 = \begin{bmatrix} z_1 & 1 \\ 0 & z_2 \end{bmatrix}$$

Perhatikan bahwa $\mu, \alpha, \beta, \theta > 0$ dan jika $R_0 = \frac{-\mu(1+\mu)\alpha}{\varphi(\beta+\mu)} < 1$, maka ditemukan bahwa

$$\lambda_1 = k = -\mu < 0$$

$$\lambda_2 = i = -\theta - \mu < 0$$

Karena $R_0 = \frac{-\mu(1+\mu)\alpha}{\varphi(\beta+\mu)} < 1$, maka

$$\frac{-\mu(1+\mu)\alpha}{\varphi} < (\beta + \mu)$$

$$\frac{-\mu(1+\mu)\alpha}{\varphi} - \beta - \mu < 0$$

Sehingga

$$\lambda_3 = g = \alpha \frac{-\mu(1+\mu)}{\varphi} - \beta - \mu < 0$$

Determinan dari matriks Routh-Hurwitz

$$(i) \quad \det H_1 = z_1 = -a - e = -(-(1 + \mu)) - (-(\sigma + \mu)) = 1 + \mu + \sigma + \mu$$

$$\text{karena } \mu, \sigma > 0 \text{ maka } 1 + \mu + \sigma + \mu = z_1 = \det H_1 > 0$$

$$(ii) \quad \det H_2 = z_1 z_2$$

Perhatikan bahwa

$$z_2 = -bd + ae = -\sigma(1 - \gamma) + (-(1 + \mu))(-(\sigma + \mu)) = -\sigma(1 - \gamma) + (1 + \mu)(\sigma + \mu) = -\varphi$$

$$\text{Karena } \varphi < 0 \text{ maka } z_2 = -\varphi > 0$$

$$\text{Karena } z_1 > 0 \text{ dan } z_2 > 0 \text{ maka dihasilkan } z_1 z_2 = \det H_2 > 0$$

Karena determinan dari semua matriks Routh-Hurwitz bernilai positif, maka $\lambda_4, \lambda_5 < 0$.

Dari analisis nilai eigen diperoleh bahwa $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_4, \lambda_5 < 0$ serta λ_3 bergantung pada R_0 yaitu jika $R_0 < 1$ maka $\lambda_3 < 0$. Menggunakan Pertidaksamaan (20) dan hasil analisis nilai eigen, diperoleh hasil bahwa ketika $0 < R_0 = \frac{-\mu(1+\mu)\alpha}{\varphi(\beta+\mu)} < 1$ didapatkan $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5 < 0$, sehingga dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit model VSIQR stabil asimtotik.

Simulasi numerik model menggunakan *software* Maple 18 dengan estimasi nilai parameter dan nilai awal yang mengacu pada Tabel 3 dan Tabel 4. Estimasi nilai parameter serta nilai awal ditentukan menggunakan data pada Tabel 2.

Tabel 2. Data penyebaran COVID-19 di Indonesia

Data	Nilai	Sumber
Jumlah individu dalam populasi	271349889 individu	(Idris, 2021)
Jumlah tervaksin pertama	72893002 individu	(Kementerian Kesehatan, 2021)
Jumlah tervaksin kedua	41549011 individu	(Kementerian Kesehatan, 2021)
Jumlah sasaran vaksin	208265720 individu	(Kementerian Kesehatan, 2021)
Jumlah rentan	271349889 individu	(Komite Penanganan COVID-19 dan Pemulihan Ekonomi Nasional, 2021)
Jumlah terinfeksi	4178788 individu	(Komite Penanganan COVID-19 dan Pemulihan Ekonomi Nasional, 2021)
Jumlah terkarantina	4178788 individu	(Komite Penanganan COVID-19 dan Pemulihan Ekonomi Nasional, 2021)
Jumlah sembuh	3988843 individu	(Komite Penanganan COVID-19 dan Pemulihan Ekonomi Nasional, 2021)
Angka harapan hidup	71.5	(Badan Pusat Statistik, 2013)
Masa inkubasi	5.01 hari	(Spencer, dkk., 2020)
Masa infeksi	15.2 hari	(Spencer, dkk., 2020)
Masa karantina	14 hari	(Hartati, 2021)

Tabel 3. Estimasi nilai parameter

No	Parameter	Syarat	Rumus	Nilai Estimasi
1	μ	$\mu > 0$	$\frac{1}{\text{Angka harapan hidup}}$	$= \frac{1}{71.5 \text{ tahun}} = 0.014/\text{tahun}$
2	α	$\alpha > 0$	$\frac{1}{\text{Masa inkubasi}}$	$\frac{1}{5.01} = 0.2/\text{hari} = 73/\text{tahun}$
3	β	$\beta > 0$	$\frac{1}{\text{Masa karantina}}$	$\frac{1}{14} = 0.07/\text{hari} = 25.55/\text{tahun}$
4	θ	$\theta > 0$	$\frac{1}{\text{masa infeksi}}$	$\frac{1}{15.2} = 0.06/\text{hari} = 21.9/\text{tahun}$
5	σ	$\sigma > 0$	$\frac{\text{Banyak individu vaksin pertama}}{\text{sasaran vaksinasi}}$	$\frac{72893002}{208265720} = 0.35$
6	γ	$\gamma > 0$	$\frac{\text{Banyak individu vaksin kedua}}{\text{Banyak individu vaksin pertama}}$	$\frac{41549011}{72893002} = 0.57$

Rumus yang digunakan dalam estimasi nilai parameter pada Tabel 3 di atas bersumber pada penelitian yang ditulis oleh Rahayu & Nusantara (2019) dan Hartati (2021).

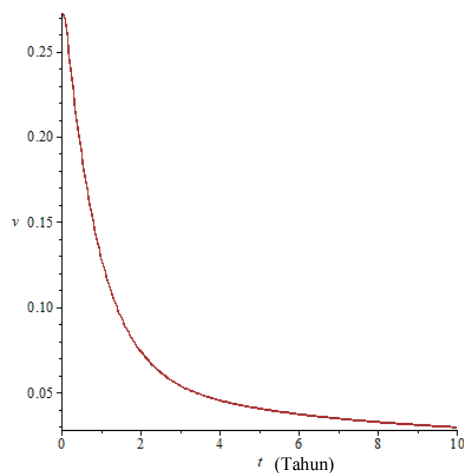
Tabel 4. Nilai Awal

No	Variabel	Nilai awal
1	$v(0)$	$\frac{V}{N} = 0.27$
2	$s(0)$	$\frac{S}{N} = 1$
3	$i(0)$	$\frac{I}{N} = 0.0154$
4	$q(0)$	$\frac{Q}{N} = 0.0154$
5	$r(0)$	$\frac{R}{N} = 0.0147$

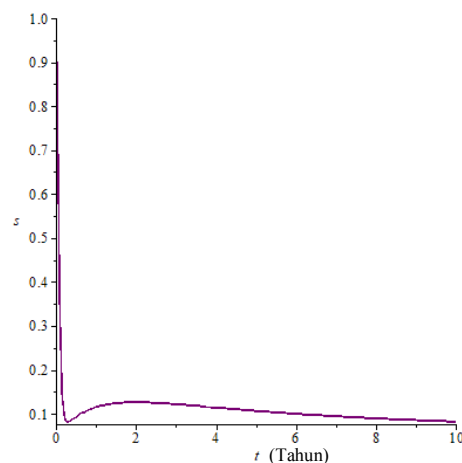
Nilai awal pada Tabel 4 diperoleh dengan membagi banyak individu pada masing-masing subpopulasi dengan total populasi. Data banyak individu diperoleh dari data pada Tabel 2

Dengan mensubstitusikan nilai parameter Tabel 3 pada $R_0 = \frac{-\mu\alpha(1+\mu)}{\varphi(\beta+\mu)}$ dan titik ekuilibrium bebas penyakit, diperoleh nilai $R_0 = 0.19$. karena $0 < R_0 = 0.19 < 1$ maka model VSIQR memiliki nilai eigen $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5 < 0$, sehingga titik ekuilibrium bebas penyakit model VSIQR stabil asimtotik atau sistem stabil asimtotik menuju titik ekuilibrium $E_0 = (v_0, s_0, i_0, q_0, r_0) = (0.022, 0.065, 0, 0, 0.913)$. Jika nilai $R_0 < 1$ maka akan bebas dari penyebaran penyakit (Roudhotillah & Chandra, 2021). Karena $R_0 = 0.19 < 1$ maka seiring berjalannya waktu, penyebaran COVID-19 akan menghilang.

Berikut ini sajian grafik simulasi numerik penyebaran COVID-19 untuk masing-masing subpopulasi. Sumbu datar pada setiap grafik mewakili waktu (t) dalam satuan tahun. Sedangkan sumbu tegak menunjukkan banyak individu dalam skala 1: 271349889 jiwa.



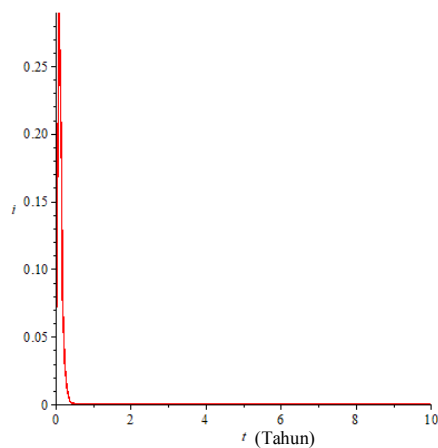
Gambar 2. Grafik subpopulasi *vaccinated*



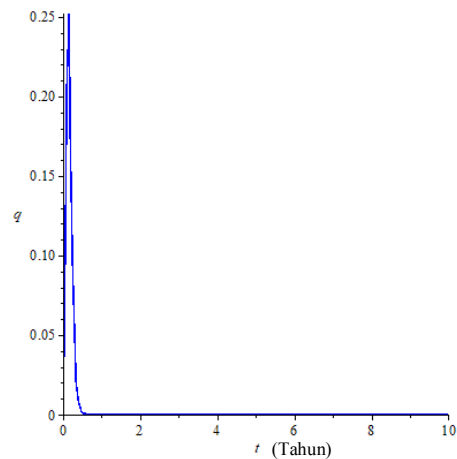
Gambar 3. Grafik subpopulasi *susceptible*

Berdasarkan Gambar 2, dapat dilihat bahwa grafik subpopulasi *vaccinated* mengalami penurunan dari nilai awal $v(0) = 0.27$ menuju titik setimbang 0.022 . Titik setimbang ini setara dengan 5969698 individu. Seiring berjalannya waktu jumlah individu dalam subpopulasi *vaccinated* akan mengalami penurunan dan stabil dalam jumlah 5969698 individu. Penurunan ini disebabkan oleh kematian alami, perpindahan individu ke subpopulasi rentan karena belum tervaksin lengkap dan perpindahan individu ke subpopulasi *recovered* karena sudah tervaksin lengkap.

Gambar 3 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *susceptible* mengalami penurunan dari nilai awal $s(0) = 1$ menuju titik setimbang 0.065 yang setara dengan 17637743 individu. Seiring berjalannya waktu jumlah individu dalam subpopulasi *susceptible* akan mengalami penurunan dan stabil dalam jumlah 17637743 individu. Penurunan ini disebabkan oleh kematian alami, perpindahan individu ke subpopulasi *vaccinated* yang tak kembali menjadi rentan dan individu yang mengalami infeksi.



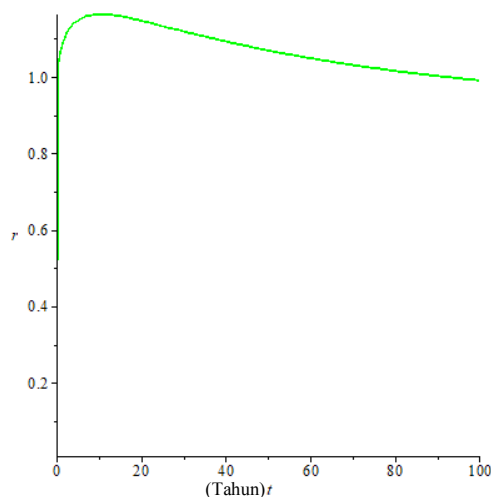
Gambar 4. Grafik subpopulasi *infected*



Gambar 5. Grafik subpopulasi *quarantined*

Dari Gambar 4, dapat dilihat bahwa grafik subpopulasi *infected* mengalami penurunan dari nilai awal $i(0) = 0.0154$ menuju titik setimbang 0. Seiring berjalannya waktu jumlah individu dalam subpopulasi *infected* akan mengalami penurunan dan stabil dalam jumlah 0 individu. Hal ini menunjukkan bahwa subpopulasi *infected* akan menghilang dari populasi karena penyakit yang berhenti menyebar seiring berjalannya waktu.

Gambar 5 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *quarantined* mengalami penurunan dari nilai awal $q(0) = 0.0154$ menuju titik setimbang 0. Seiring berjalannya waktu jumlah individu dalam subpopulasi *quarantined* akan mengalami penurunan dan stabil dalam jumlah 0 individu. Hal ini terjadi karena subpopulasi individu yang terinfeksi seiring berjalannya waktu akan menghilang dari populasi sehingga subpopulasi individu yang karantina juga akan menghilang.



Gambar 6. Grafik subpopulasi *recovered*

Gambar 6 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *recovered* mengalami peningkatan dari nilai awal $r(0) = 0.0147$ menuju titik setimbang 0.913 yang setara dengan 247742449 individu. peningkatan ini disebabkan oleh perpindahan individu yang ter vaksin lengkap dan perpindahan individu terinfeksi yang telah menjadi sembuh.

4. SIMPULAN

Model matematika untuk penyebaran COVID-19 dibentuk dengan memecah populasi manusia menjadi lima subpopulasi yang terdiri dari subpopulasi individu ter vaksin atau *vaccinated*, subpopulasi individu yang rentan atau *susceptible*, subpopulasi individu terinfeksi atau *infected*, subpopulasi individu terkarantina atau *quarantined* dan subpopulasi individu yang sembuh atau *recovered*. Model tersebut dirumuskan dalam bentuk sistem persamaan diferensial sebagai berikut

$$\frac{dV}{dt} = \sigma S - (1 + \mu)V$$

$$\frac{dS}{dt} = \mu N + (1 - \gamma)V - \sigma S - \alpha SI - \mu S$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I - \mu I$$

$$\frac{dQ}{dt} = \beta I - \theta Q - \mu Q$$

$$\frac{dR}{dt} = \theta Q + \gamma V - \mu R$$

Dari analisis model diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit, titik ekuilibrium endemi dan bilangan reproduksi dasar $R_0 = \frac{-\mu(1+\mu)\alpha}{\varphi(\beta+\mu)}$ dengan $\varphi = (1 - \gamma)\sigma - (\sigma + \mu)(1 + \mu)$. Titik ekuilibrium bebas penyakit model stabil asimtotik jika $R_0 < 1$.

Berdasarkan simulasi numerik menggunakan data kuantitatif penyebaran COVID-19 di Indonesia dan estimasi nilai parameter diperoleh nilai $R_0 = 0.19 < 1$ yang menunjukkan bahwa model stabil asimtotik menuju titik ekuilibrium bebas penyakit serta transmisi COVID-19 di Indonesia akan berhenti seiring berjalannya waktu.

Model dalam penelitian ini tidak menyertakan faktor migrasi, sehingga untuk penelitian berikutnya model dapat dikembangkan dengan menambahkan faktor migrasi.

DAFTAR PUSTAKA

- Annas, S., Isbar Pratama, M., Rifandi, M., Sanusi, W., & Side, S. 2020. Stability Analysis and Numerical Simulation of SEIR Model for Pandemic COVID-19 Spread in Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 110072. DOI:10.1016/j.chaos.2020.110072.
- Bakare, E. A., Nwagwo, A., & Danso-Addo, E. 2014. Optimal Control Analysis of an SIR Epidemic Model with Constant Recruitment. *International Journal of Applied Mathematical Research*, 3(3). DOI:10.14419/ijamr.v3i3.2872.
- Banerjee, S. 2021. *Mathematical Modeling Models, Analysis and Applications* (Second Edition). Boca Raton: CRC Press.
- Batistela, C. M., Correa, D. P. F., Bueno, Á. M., Roberto, J., & Piqueira, C. 2020. SIRSi Compartmental Model for COVID-19 Pandemic with Immunity Loss. *Chaos, Solitons and Fractals*, 142, 110388. DOI:10.1016/j.chaos.2020.110388.
- Fosu, G. O., Opong, J. M., & Appati, J. K. 2020. Construction of Compartmental Models for COVID-19 with Quarantine, Lockdown and Vaccine Interventions. *SSRN Electronic Journal*, April. DOI:10.2139/ssrn.3574020.

- Hartati, E. 2021. *Model Matematika Penyebaran Penyakit Covid- 19 dengan Penggunaan Masker Kesehatan dan Karantina*. Skripsi tidak diterbitkan. Jakarta: FST Universitas Islam Negeri Syarif Hidayatullah.
- Hussain, T., Ozair, M., Ali, F., Rehman, S. ur, Assiri, T. A., & Mahmoud, E. E. 2021. Sensitivity Analysis and Optimal Control of COVID-19 Dynamics Based on SEIQR Model. *Results in Physics*, 22, 103956. DOI:10.1016/j.rinp.2021.103956.
- Idris, M. 2021. *Jumlah Penduduk Indonesia Terkini Mencapai 271,34 Juta*, (online), (<https://amp.kompas.com/money/read/2021/01/22/090554926/jumlah-penduduk-indonesia-terkini-mencapai-27134-juta>), diakses 23 September 2021.
- Kementerian Kesehatan. 2021. *Vaksinasi COVID-19 Nasional*, (online), (<https://vaksin.kemkes.go.id/#/vaccines>), diakses 13 September 2021.
- Komite Penanganan COVID-19 dan Pemulihan Ekonomi Nasional. 2021. *Peta Sebaran COVID-19*, (online), (<https://covid19.go.id/peta-sebaran>), diakses 13 September 2021.
- Ndii, M. Z. (2018). *Pemodelan Matematika Dinamika Populasi dan Penyebaran Penyakit Teori, Aplikasi dan Numerik*. Sleman: Deepublish.
- Neuhauser, C., & Roper, M. L. 2018. *Calculus for Biology and Medicine*. (Fourth Edition). Boston: Pearson.
- Rahayu, A. P., & Nusantara, T. 2019. *Analisis Kestabilan Model Epidemi MSEIVR Pada Penyebaran Penyakit Difteri di Provinsi Jawa Timur*. Skripsi tidak diterbitkan. Malang: FMIPA Universitas Negeri Malang.
- Roudhotillah, D., & Chandra, T. D. 2021. Analisis Kestabilan Model Penyebaran Penyakit Tuberkulosis dengan Menggunakan Mseitr. *Wahana Matematika dan Sains: Jurnal Matematika, Sains, dan Pembelajarannya*, 15(2), 56–74. <https://ejournal.undiksha.ac.id/index.php/JPM/article/view/34503>.
- Spencer, J. A., Shutt, D. P., Moser, S. K., Clegg, H., Wearing, H. J., Mukundan, H., & Manore, C. A. 2020. Epidemiological Parameter Review and Comparative Dynamics Of Influenza, Respiratory Syncytial Virus, Rhinovirus, Human Coronavirus, and Adenovirus. *MedRxiv*. DOI: 10.1101/2020.02.04.20020404.
- Subdirektorat Statistik Demografi. 2013. *Proyeksi Penduduk Indonesia Indonesia Population Projection 2010-2035*. Jakarta: Badan Pusat Statistik.
- Tuteja, G. S. 2020. Stability and Numerical Investigation of Modified SEIR Model with Vaccination and Life-Long Immunity. *European Journal of Molecular and Clinical Medicine*, 7(3), 3034–3044. Dari https://ejmcm.com/article_3850.html.
- Velavan, T. P., & Meyer, C. G. 2020. The COVID-19 Epidemic. *Tropical Medicine and International Health*,

25(3), 278–280. DOI: 10.1111/tmi.13383.

World Health Organization. 2020. *Coronavirus Disease (COVID-19)*, (online), (https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab_1), diakses 18 Maret 2021.