



## ANALISIS SENSITIVITAS MODEL EPIDEMI SIR DAN SVIR PADA PENYAKIT MENULAR

**Hanna Munaira, Yuni Yulida, Muhammad Ahsar Karim**

Program Studi Matematika, Fakultas MIPA, Universitas Lambung Mangkurat  
Jl. A. Yani Km. 36, Banjarbaru 70714, Kalimantan Selatan  
email: [hannamunaira@gmail.com](mailto:hannamunaira@gmail.com)

### ABSTRACT

Infectious diseases, caused by pathogenic microorganisms like bacteria, viruses, parasites, or fungi, have the potential to spread directly or indirectly between individuals. The spread of infectious diseases can be modeled using the Kermack-McKendrick epidemic model. This research aims to explain the formation of a mathematical model, determine equilibrium points and basic reproduction numbers, and analyze local stability in the mathematical model. Additionally, sensitivity analysis of the basic reproduction numbers and numerical simulations using the fourth-order Runge-Kutta method will be conducted. From this research, the SIR (*Susceptible, Infected, Recovered*) epidemic model is formulated, and this model is modified to create the SVIR (*Susceptible, Vaccinated, Infected, Recovered*) model. Based on the formed models, equilibrium points for disease-free and endemic conditions are obtained for each model. The basic reproduction numbers for each model are determined using the Next Generation Matrix method. Subsequently, by using the eigenvalues of the Jacobian matrix, the stability types of both models at each equilibrium point are identified as locally asymptotically stable under certain condition. Sensitivity analysis reveals that the most sensitive parameters to changes in the basic reproduction numbers, when ranked from the largest for the SIR model, are the transmission rate, birth/death rate, and recovery rate. Meanwhile, for the SVIR model, they include the transmission rate, birth/death rate, recovery rate, and the proportion of the population vaccinated. These analyses are further supported by numerical simulation results.

**Keywords:** Infectious Diseases, Epidemic Model, Stability Analysis, Sensitivity Analysis

### ABSTRAK

Penyakit menular merupakan penyakit yang disebabkan oleh mikroorganisme patogen seperti bakteri, virus, parasit, atau jamur. Penyakit ini dapat menyebar, baik secara langsung maupun tidak, dari satu individu ke individu lainnya. Penyebaran penyakit menular dapat dimodelkan dengan pemodelan matematika epidemi Kermack-McKendrick. Penelitian ini bertujuan untuk menjelaskan pembentukan model matematika, menentukan titik ekuilibrium serta bilangan reproduksi dasar, dan menganalisis kestabilan lokal pada model matematika. Selain itu, dilakukan analisis sensitivitas terhadap bilangan reproduksi dasar dan simulasi numerik dengan metode Runge-Kutta orde 4. Dari penelitian ini, diperoleh bentuk model epidemi SIR (*Susceptible, Infected, Recovered*) dan modifikasi model tersebut menjadi model SVIR (*Susceptible, Vaccinated, Infected, Recovered*). Berdasarkan model yang terbentuk, diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik pada masing-masing model. Bilangan reproduksi dasar masing-masing model ditentukan dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Kemudian, dengan menggunakan nilai eigen dari matriks Jacobian, diketahui jenis kestabilan kedua model pada masing-masing titik ekuilibrium adalah stabil asimtotik lokal dengan syarat tertentu. Analisis sensitivitas menunjukkan parameter yang paling sensitif terhadap perubahan bilangan reproduksi dasar jika diurutkan dari yang terbesar untuk model SIR adalah laju penularan, laju kelahiran/kematian, dan laju kesembuhan. Sedangkan,

untuk model SVIR adalah laju penularan, laju kelahiran/kematian, laju kesembuhan, dan proporsi populasi yang telah divaksinasi. Analisis- analisis ini juga diperkuat oleh hasil simulasi numerik.

**Kata kunci:** Penyakit Menular, Model Epidemi, Analisis Kestabilan, Analisis Sensitivitas

Received: 24 Maret 2024, Accepted: 26 Mei 2024, Published: 1 Juni 2024

## **PENDAHULUAN**

Penyakit menular merupakan penyakit yang disebabkan oleh mikroorganisme patogen seperti bakteri, virus, parasit, ataupun jamur. Penyakit ini dapat menyebar, baik secara langsung maupun tidak, dari satu individu ke individu lainnya (Kemenkes RI, 2014). Beberapa penyakit menular antara lain tuberkulosis, COVID-19, campak, difteri, dan hepatitis. *World Health Organization* (WHO) telah mengelompokkan penyakit menular ke dalam tiga kategori, yaitu penyakit menular yang menyebabkan tingkat kematian tinggi, penyakit menular yang menimbulkan beban kecacatan yang berat bagi masyarakat, dan penyakit menular yang penyebarannya cepat dan tidak terduga sehingga menimbulkan dampak global yang serius. Salah satu upaya yang dapat dilakukan oleh pemerintah untuk mengatasi penyakit menular adalah dengan memberikan vaksin (WHO, 2021). Melalui pemberian vaksin, tubuh akan mengidentifikasi bakteri atau virus yang menyebabkan penyakit sehingga sistem imun tubuh dapat bekerja dengan optimal dalam melawan infeksi dari penyakit tersebut (Kemenkes RI, 2022).

Salah satu cara untuk memahami dinamika penyebaran penyakit menular adalah melalui pemodelan matematika epidemiologi (Widowati & Sutimin, 2007). Model epidemi yang paling populer adalah model SIR (*Susceptible, Infected, Recovered*) yang pertama kali diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927. Salah satu bentuk perkembangan dari model SIR adalah model SVIR (*Susceptible, Vaccinated, Infected, Recovered*). Model SVIR mempertimbangkan efek vaksinasi dalam memahami dinamika penyebaran penyakit dalam suatu populasi. Kemudian, pada model epidemi, perubahan nilai parameter seperti tingkat penularan atau tingkat vaksinasi dapat secara signifikan memengaruhi bilangan reproduksi dasar. Bilangan reproduksi dasar memberikan informasi mengenai tingkat penyebaran penyakit dalam suatu populasi. Oleh karena itu, dengan menggunakan analisis sensitivitas, parameter-parameter yang paling signifikan dalam mempengaruhi tingkat penyebaran penyakit dapat diidentifikasi. Hasil analisis sensitivitas ini kemudian dapat membantu merumuskan langkah-langkah yang tepat untuk mengurangi penyebaran penyakit (Karim & Yulida, 2021).

Penelitian terdahulu yang membahas model SIR dan SVIR yaitu Chauhan dkk. (2014) yang melakukan analisis kestabilan lokal dan global pada model. Kemudian, Harianto & Suparwati (2017) yang melakukan analisis kestabilan lokal titik ekuilibrium dan simulasi numerik model SVIR, serta Malorung dkk. (2018)

yang melakukan analisis sensitivitas pada model matematika penyebaran penyakit dengan vaksinasi.

Pada penelitian ini, penyebaran penyakit menular akan dianalisis menggunakan Model SIR (tanpa vaksinasi) dan SVIR (dengan vaksinasi), kemudian akan diberikan perbandingan antara kedua model tersebut. Penelitian ini bertujuan untuk menjelaskan terbentuknya model SIR (tanpa vaksinasi) dan SVIR (dengan vaksinasi), menentukan titik ekuilibrium dan bilangan reproduksi dasar, serta menganalisis kestabilan lokal pada model matematika. Selain itu, dilakukan analisis sensitivitas bilangan reproduksi dasar pada model matematika dan simulasi numerik dengan metode Runge-Kutta orde 4.

## TINJAUAN PUSTAKA

### 1. Sistem Persamaan Diferensial Nonlinear dan Titik Ekuilibrium

Menurut (Braun, 2013), bentuk sistem persamaan diferensial nonlinear dinyatakan sebagai berikut.

$$\frac{dx}{dt} = f(x) \quad (1)$$

Terdapat  $f_i(x)$  untuk setiap  $i = 1, 2, \dots, n$  merupakan fungsi nonlinear dengan

$$x = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix}, \frac{dx}{dt} = \begin{pmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \frac{dx_2}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} \end{pmatrix}, \text{ dan } f(x) = \begin{pmatrix} f_1(x) \\ f_2(x) \\ \vdots \\ f_n(x) \end{pmatrix} \text{ dengan } x, f(x) \in \mathbb{R}^n$$

Sementara itu, titik ekuilibrium didefinisikan sebagai berikut.

**Definisi 1** (Wiggins, 2023)

*Sebuah titik dalam ruang fase  $\bar{x} \in \mathbb{R}^n$  yang merupakan solusi dari persamaan diferensial, yaitu  $f(\bar{x}) = \mathbf{0}$ ,  $f(\bar{x}, t) = \mathbf{0}$  disebut titik ekuilibrium.*

### 2. Bilangan Reproduksi Dasar

Giesecke (2017) mendefinisikan bilangan reproduksi dasar (*Basic Reproduction Number*) yang dinotasikan dengan  $\mathcal{R}_0$  sebagai jumlah rata-rata individu yang terinfeksi sekunder tertular oleh individu yang terinfeksi primer sehingga dapat dikatakan bahwa bilangan reproduksi dasar adalah suatu ambang batas penyebaran suatu penyakit.

Menurut Driessche & Watmough (2002) untuk menentukan  $\mathcal{R}_0$ , pendekatan yang dilakukan adalah dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Misalkan terdapat  $a$  banyaknya subpopulasi terinfeksi dan  $b$  banyaknya subpopulasi yang tidak terinfeksi. Kemudian, dimisalkan subpopulasi yang terinfeksi disimbolkan oleh  $x$  dan subpopulasi yang tidak terinfeksi disimbolkan oleh  $y$ , dengan  $x \in \mathbb{R}^a$  dan  $y \in \mathbb{R}^b$  dimana  $a, b \in \mathbb{N}$  sehingga

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= \mathcal{F}(x, y) - \mathcal{V}(x, y) \\ \frac{dy}{dt} &= \mathcal{W}(x, y) \end{aligned} \quad (2)$$

dengan  $\mathcal{F}(x, y)$  adalah laju infeksi yang akan menambah laju perubahan subpopulasi terinfeksi,  $\mathcal{V}(x, y)$  adalah laju perkembangan penyakit yang dapat mengurangi laju perubahan subpopulasi terinfeksi (kematian atau kesembuhan), dan  $\mathcal{W}(x, y)$  adalah laju perubahan subpopulasi yang tidak terinfeksi.

Selanjutnya, dituliskan titik ekuilibrium bebas penyakit untuk Persamaan (2) sebagai  $(0, \bar{y})$ . Kemudian, perhitungan  $\mathcal{R}_0$  dapat dilakukan dengan cara melinearisasi Persamaan (2) yaitu  $\frac{dx}{dt} = [D_{\mathcal{F}} - D_{\mathcal{V}}]x$  dengan  $D_{\mathcal{F}}$  dan  $D_{\mathcal{V}}$  merupakan matriks Jacobian. Kemudian, didefinisikan matriks  $F = D_{\mathcal{F}}|_{(0, \bar{y})}$  dan  $V = D_{\mathcal{V}}|_{(0, \bar{y})}$  sehingga dapat diperoleh bentuk *Next Generation Matrix* yaitu  $K = FV^{-1}$ . Bilangan reproduksi dasar merupakan nilai eigen dominan dari matriks  $K$  yang dinyatakan pada Persamaan (3) sebagai berikut:

$$\mathcal{R}_0 = \rho(K) = \rho(FV^{-1}) \quad (3)$$

### 3. Kriteria Routh-Hurwitz dan Jenis Kestabilan

Jika nilai eigen dari suatu persamaan polinomial sulit ditentukan secara langsung, maka dapat ditentukan menggunakan kriteria Routh-Hurwitz.

**Teorema 2** (Martcheva, 2015)

*Diberikan polinomial karakteristik berderajat  $n$  dengan koefisien real konstan berikut:*

$$P(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \dots + a_{n-1}\lambda + a_n \quad (4)$$

*Didefinisikan  $n$  matriks Hurwitz menggunakan koefisien  $a_i$  dan polinomial karakteristik sebagai berikut:*

$$H_1 = (a_1), H_2 = \begin{pmatrix} a_1 & 1 \\ a_3 & a_2 \end{pmatrix}, H_3 = \begin{pmatrix} a_1 & 1 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ a_5 & a_4 & a_3 \end{pmatrix}, \dots, H_n = \begin{pmatrix} a_1 & 1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & 1 & \dots & 0 \\ a_5 & a_4 & a_3 & a_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_n \end{pmatrix}$$

*dengan  $a_i = 0$  jika  $i > n$ . Semua akar-akar dari Persamaan (4) bernilai negatif atau memiliki bagian real yang negatif jika dan hanya jika determinan dari semua matriks Hurwitz bernilai positif atau  $\text{Det}(H_i) > 0$  untuk  $i = 1, 2, 3, \dots, n$ .*

Kemudian, jenis kestabilan sistem dapat ditentukan menggunakan teorema berikut.

**Teorema 3** (Bellomo dkk., 2000)

*Jika  $\lambda_j$  merupakan nilai eigen dari matriks Jacobian  $n \times n$  di titik ekuilibrium  $\bar{x}$  dan  $\text{Re}(\lambda_j)$  merupakan bagian real dari  $\lambda_j$  maka*

- (1) Untuk setiap  $j = 1, 2, \dots, n, \text{Re}(\lambda_j) < 0, \bar{x}$  stabil asimtotik.
- (2) Jika terdapat  $\text{Re}(\lambda_j) > 0$  untuk suatu  $j, \bar{x}$  tidak stabil.

#### 4. Analisis Sensitivitas

Analisis sensitivitas dilakukan untuk memahami pengaruh perubahan suatu parameter terhadap bilangan reproduksi dasar.

**Definisi 4** (Chitnis dkk., 2008)

*Indeks sensitivitas ternormalisasi dari bilangan reproduksi dasar bergantung pada diferensial parameter  $l$ , yang didefinisikan sebagai berikut:*

$$S_i^{\mathcal{R}_0} = \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial l} \times \frac{l}{\mathcal{R}_0} \quad (5)$$

dengan

- $S$  : indeks sensitivitas
- $l$  : parameter yang akan dianalisis
- $\mathcal{R}_0$  : bilangan reproduksi dasar

### METODE PENELITIAN

Penelitian ini diawali dengan menjelaskan pembentukan model SIR (tanpa vaksinasi) dan SVIR (dengan vaksinasi), kemudian menentukan titik ekuilibrium berdasarkan Definisi 1, dan dilanjutkan dengan menentukan bilangan reproduksi dasar berdasarkan Persamaan (3), serta menganalisis kestabilan lokal titik ekuilibrium pada masing-masing model menggunakan Teorema 3. Selanjutnya, untuk mengidentifikasi parameter yang paling sensitif terhadap bilangan reproduksi dasar, maka dilakukan analisis sensitivitas pada masing-masing model menggunakan Definisi 4. Langkah terakhir yaitu melakukan simulasi numerik menggunakan metode Runge-Kutta orde 4 dan menginterpretasikan hasil simulasi yang diperoleh.

### HASIL DAN PEMBAHASAN

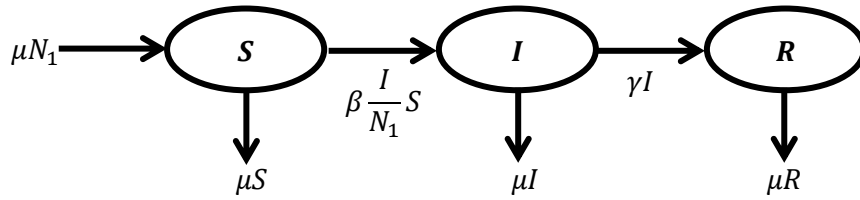
#### 1. Model Epidemi SIR

##### 1.1 Pembentukan Model SIR

Populasi pada Model SIR dibagi menjadi tiga subpopulasi, yaitu:

- (1) Subpopulasi *Susceptible*, yang dinotasikan dengan  $S(t)$  menyatakan jumlah individu yang sehat tetapi rentan terinfeksi penyakit menular pada saat  $t$ .
- (2) Subpopulasi *Infected*, yang dinotasikan dengan  $I(t)$  menyatakan jumlah individu yang terinfeksi penyakit menular pada saat  $t$ .
- (3) Subpopulasi *Recovered*, yang dinotasikan dengan  $R(t)$  menyatakan jumlah individu yang telah sembuh dari penyakit menular pada saat  $t$ .

Berikut diberikan diagram alir Model SIR (tanpa vaksinasi) pada penyakit menular berikut.



**Gambar 1.** Diagram alir model SIR pada penyakit menular

Berdasarkan Gambar 1, diperoleh bentuk model SIR (tanpa vaksinasi) pada penyakit menular sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = \mu N_1 - \beta \frac{I}{N_1} S - \mu S \quad (6)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N_1} S - \gamma I - \mu I \quad (7)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (8)$$

Parameter-parameter yang digunakan pada model ini yaitu:

$\mu$  : Laju kelahiran/kematian

$\beta$  : Laju penularan

$\gamma$  : Laju kesembuhan

dengan semua parameter bernilai positif.

Total populasi dinotasikan dengan  $N_1 = S + I + R$ , maka berdasarkan Persamaan (6) – (8) diperoleh  $\frac{dN_1}{dt} = 0$ , sehingga diperoleh total populasi konstan terhadap perubahan waktu. Model (6) – (8) dapat diubah ke dalam bentuk *non-dimensional* sehingga menjadi

$$\frac{ds}{dt} = \mu - \beta is - \mu s \quad (9)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta is - \gamma i - \mu i \quad (10)$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i - \mu r \quad (11)$$

dengan  $S = sN_1, I = iN_1, R = rN_1$ , dan diperoleh hubungan  $n_1(t) = s(t) + i(t) + r(t) = 1$ , sehingga daerah penyelesaian untuk model (9) – (11) adalah

$$\Omega_1 = \{(s(t), i(t), r(t)) \in R_+^3, s(t) + i(t) + r(t) = 1\}$$

## 1.2 Titik Ekuilibrium dan Bilangan Reproduksi Dasar Model SIR

Berdasarkan Definisi 1, titik ekuilibrium untuk Persamaan (8), (9), dan (10) dapat diperoleh jika memenuhi kondisi berikut:

$$\mu - \beta is - \mu s = 0 \quad (12)$$

$$\beta is - \gamma i - \mu i = 0 \quad (13)$$

$$\gamma i - \mu r = 0 \quad (14)$$

Dari Persamaan (13) diperoleh:

$$i = 0 \quad (15)$$

atau

$$s = \frac{\gamma + \mu}{\beta} \quad (16)$$

Persamaan (15) disubstitusi ke Persamaan (13) dan (14) sehingga diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit  $E_1^0(s_1^0, i_1^0, r_1^0) = (1, 0, 0)$ .

Selanjutnya, bilangan reproduksi dasar dapat ditentukan menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Berdasarkan Persamaan (10), diperoleh subpopulasi *Infected* dapat dinyatakan sebagai  $\frac{di}{dt} = \mathcal{F} - \mathcal{V}$  dengan  $\mathcal{F} = [\beta is]$  dan  $\mathcal{V} = [(\gamma + \mu)i]$ . Kemudian,  $\mathcal{F}$  dan  $\mathcal{V}$  dilinearisasi di sekitar titik ekuilibrium sehingga didapat  $F = \beta$  dan  $V = \gamma + \mu$ . *Next Generation Matrix* dinyatakan dalam bentuk  $K = FV^{-1} = [\beta] \left[ \frac{1}{\gamma + \mu} \right]$  sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar  $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$ .

Selanjutnya, titik ekuilibrium endemik diperoleh dengan mensubstitusi Persamaan (16) ke Persamaan (13) sehingga didapat:

$$i = \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} \quad (17)$$

Dari Persamaan (14) diperoleh:

$$r = \frac{\gamma i}{\mu} \quad (18)$$

Kemudian, Persamaan (17) disubstitusi ke Persamaan (18) sehingga didapat:

$$r = \frac{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} \quad (19)$$

Dengan demikian, dari Persamaan (16), (17), dan (19) diperoleh titik ekuilibrium endemik  $E_1^*(s_1^*, i_1^*, r_1^*) = \left( \frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)}, \frac{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} \right)$  dengan syarat  $\mathcal{R}_0 > 1$ .

### 1.3 Analisis Kestabilan Lokal pada Model SIR

Jenis kestabilan lokal di titik ekuilibrium ditentukan melalui proses linearisasi. Matriks Jacobian untuk Persamaan (9), (10), dan (11) yaitu:

$$J = \begin{pmatrix} -\beta i - \mu & -\beta s & 0 \\ \beta i & \beta s - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix} \quad (20)$$

### 1.3.1 Analisis Kestabilan Lokal di Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Matriks Jacobian di persekitaran titik ekuilibrium bebas penyakit dapat diperoleh dengan mensubstitusikan  $E_1^0$  ke Persamaan (20) diperoleh

$$J_{E_1^0} = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta & 0 \\ 0 & \beta - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}$$

dengan persamaan karakteristik yaitu:

$$\begin{aligned} & \left| \begin{pmatrix} -\mu - \lambda & -\beta & 0 \\ 0 & \beta - \gamma - \mu - \lambda & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu - \lambda \end{pmatrix} \right| = 0 \\ & \Leftrightarrow (-\mu - \lambda)(-\mu - \lambda)(\beta - \gamma - \mu - \lambda) = 0 \end{aligned}$$

Dari persamaan karakteristik tersebut diperoleh nilai eigen  $Re(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) < 0$  sehingga berdasarkan Teorema 3, titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik lokal dengan syarat  $\mathcal{R}_0 < 1$ .

### 1.3.2 Analisis Kestabilan Lokal di Titik Ekuilibrium Endemik

Matriks Jacobian di persekitaran titik ekuilibrium endemik dapat diperoleh dengan mensubstitusikan  $E_1^*$  ke Persamaan (20) sehingga didapat:

$$J_{E_1^*} = \begin{pmatrix} \frac{-\beta\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} - \mu & -\gamma - \mu & 0 \\ \frac{\beta\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}$$

dengan persamaan karakteristik yaitu:

$$\begin{aligned} & \left| \begin{pmatrix} \frac{-\beta\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} - \mu - \lambda & -\gamma - \mu & 0 \\ \frac{\beta\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0(\gamma + \mu)} & -\lambda & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu - \lambda \end{pmatrix} \right| = 0 \\ & (-\mu - \lambda) \left( \lambda^2 + \mu\mathcal{R}_0\lambda + ((\gamma + \mu)(\mu(\mathcal{R}_0 - 1))) \right) = 0 \end{aligned} \quad (21)$$

Dari Persamaan (21) diperoleh:

$$-\mu - \lambda = 0 \quad (22)$$

atau

$$\lambda^2 + \mu\mathcal{R}_0\lambda + ((\gamma + \mu)(\mu(\mathcal{R}_0 - 1))) = 0 \quad (23)$$

Nilai  $\lambda_1$  diperoleh dari Persamaan (22), yaitu:

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

Persamaan (23) digunakan untuk menentukan nilai  $\lambda_2$  dan  $\lambda_3$ , sehingga diperoleh:



$$\lambda^2 + \mu\mathcal{R}_0\lambda + \left( (\gamma + \mu)(\mu(\mathcal{R}_0 - 1)) \right) = 0$$

$$\lambda^2 + a_1\lambda + a_2 = 0 \tag{24}$$

dengan,

$$a_1 = \mu\mathcal{R}_0 > 0 \text{ dan } a_2 = (\gamma + \mu)(\mu(\mathcal{R}_0 - 1)) > 0 \text{ jika } \mathcal{R}_0 > 1$$

Selanjutnya, berdasarkan Teorema 2, maka persamaan (24) dapat dibentuk matriks Hurwitz berikut:

$$\mathbf{H}_1 = (a_1) = \mu\mathcal{R}_0$$

$$\mathbf{H}_2 = \begin{pmatrix} a_1 & 1 \\ a_3 & a_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mu\mathcal{R}_0 & 1 \\ 0 & (\gamma + \mu)(\mu(\mathcal{R}_0 - 1)) \end{pmatrix}$$

Dibuktikan bahwa

$$(1) \text{ Det}(\mathbf{H}_1) = |a_1| = |\mu\mathcal{R}_0| = \mu\mathcal{R}_0 > 0$$

$$(2) \text{ Det}(\mathbf{H}_2) = \begin{vmatrix} a_1 & 1 \\ 0 & a_2 \end{vmatrix} = a_1 a_2 = (\mu\mathcal{R}_0) \left( (\gamma + \mu)(\mu(\mathcal{R}_0 - 1)) \right) > 0$$

jika  $\mathcal{R}_0 > 1$

Berdasarkan (1) dan (2), diperoleh  $\text{Det}(\mathbf{H}_1) > 0$  dan  $\text{Det}(\mathbf{H}_2) > 0$  sehingga berdasarkan Kriteria Routh-Hurwitz pada 2, diketahui bahwa bagian real dari nilai eigen  $\lambda_2$  dan  $\lambda_3$  bernilai negatif atau ditulis  $\text{Re}(\lambda_2, \lambda_3) < 0$ . Karena  $\text{Re}(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) < 0$ , maka berdasarkan Teorema 3, titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik dengan syarat  $\mathcal{R}_0 > 1$ .

## 2. Model Epidemi SVIR

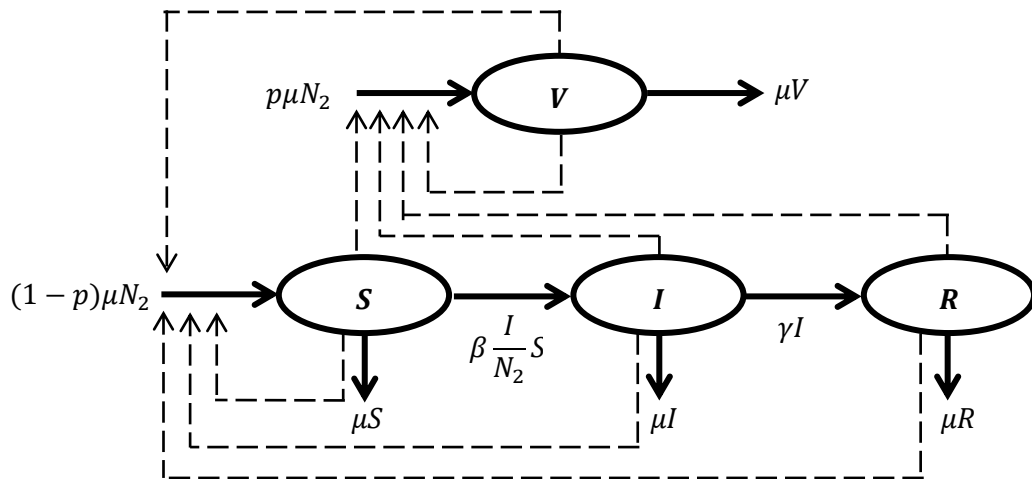
### 2.1 Pembentukan Model SVIR

Model SVIR dibagi menjadi empat subpopulasi, yaitu:

- (1) Subpopulasi *Susceptible*, yang dinotasikan dengan  $S(t)$  menyatakan jumlah individu yang sehat tetapi rentan terinfeksi penyakit menular pada saat  $t$ .
- (2) Subpopulasi *Vaccinated*, yang dinotasikan dengan  $V(t)$  menyatakan jumlah individu yang telah divaksinasi penyakit menular pada saat  $t$ .
- (3) Subpopulasi *Infected*, yang dinotasikan dengan  $I(t)$  menyatakan jumlah individu yang terinfeksi penyakit menular pada saat  $t$ .
- (4) Subpopulasi *Recovered*, yang dinotasikan dengan  $R(t)$  menyatakan jumlah individu yang telah sembuh dari penyakit menular pada saat  $t$ .

Diberikan diagram alir model SVIR (dengan vaksinasi) penyebaran penyakit menular berikut.

Berdasarkan Gambar 2, diperoleh bentuk model SVIR pada penyakit menular sebagai berikut:



**Gambar 2.** Diagram alir model SVIR pada penyakit menular

$$\frac{dS}{dt} = (1 - p)\mu N_2 - \beta \frac{I}{N_2} S - \mu S \quad (25)$$

$$\frac{dV}{dt} = p\mu N_2 - \mu V \quad (26)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N_2} S - \gamma I - \mu I \quad (27)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (28)$$

Parameter-parameter yang digunakan pada model ini yaitu:

- $\mu$  : Laju kelahiran/kematian
- $\beta$  : Laju penularan
- $\gamma$  : Laju kesembuhan
- $p$  : Proporsi populasi yang telah divaksinasi,  $p \in (0,1)$

dengan semua parameter bernilai positif.

Total populasi dinotasikan dengan  $N_2 = S + V + I + R$ , maka berdasarkan Persamaan (25) – (28) diperoleh  $\frac{dN_2}{dt} = 0$ , sehingga diperoleh total populasi konstan terhadap perubahan waktu. Model (25) – (28) dapat diubah ke dalam bentuk *non-dimensional* sehingga menjadi

$$\frac{ds}{dt} = (1 - p)\mu - \beta is - \mu s \quad (29)$$

$$\frac{dv}{dt} = p\mu - \mu v \quad (30)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta is - \gamma i - \mu i \quad (31)$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i - \mu r \quad (32)$$

dengan  $S = sN_2$ ,  $V = vN_2$ ,  $I = iN_2$ ,  $R = rN_2$  dan diperoleh hubungan  $n_2(t) = s(t) + v(t) + i(t) + r(t) = 1$ , sehingga daerah penyelesaian untuk model (29) – (32) adalah  $\Omega_2 = \{(s(t), v(t), i(t), r(t)) \in R_+^4, s(t) + v(t) + i(t) + r(t) = 1\}$ .

## 2.2 Titik Ekuilibrium dan Bilangan Reproduksi Dasar Model SVIR

Berdasarkan Definisi 1, titik ekuilibrium untuk Persamaan (29) – (32) dapat diperoleh jika memenuhi kondisi berikut:

$$(1 - p)\mu - \beta is - \mu s = 0 \quad (33)$$

$$p\mu - \mu v = 0 \quad (34)$$

$$\beta is - \gamma i - \mu i = 0 \quad (35)$$

$$\gamma i - \mu r = 0 \quad (36)$$

Dari Persamaan (33) – (36) diperoleh ketika  $i = 0$ , maka titik ekuilibrium bebas penyakit adalah  $E_2^0(s_2^0, v_2^0, i_2^0, r_2^0) = (1 - p, p, 0, 0)$ .

Selanjutnya, bilangan reproduksi dasar dapat ditentukan menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Berdasarkan Persamaan (31), diperoleh subpopulasi *Infected* dapat dinyatakan sebagai  $\frac{di}{dt} = \mathcal{F} - \mathcal{V}$  dengan  $\mathcal{F} = [\beta is]$  dan  $\mathcal{V} = [(\gamma + \mu)i]$ . Kemudian,  $\mathcal{F}$  dan  $\mathcal{V}$  dilinearisasi di sekitar titik ekuilibrium sehingga didapat  $F = \beta(1 - p)$  dan  $V = \gamma + \mu$ . *Next Generation Matrix* dinyatakan dalam bentuk  $K = FV^{-1} = [\beta(1 - p)] \left[ \frac{1}{\gamma + \mu} \right]$  sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar model SVIR yaitu  $\mathcal{R}_v = \frac{(1-p)\beta}{\gamma + \mu}$ . Dengan demikian, diperoleh hubungan bilangan reproduksi dasar dari kedua model yaitu  $\mathcal{R}_v = \mathcal{R}_0(1 - p)$ . Dengan kata lain,  $\mathcal{R}_v \leq \mathcal{R}_0$  untuk  $0 \leq p < 1$ .

Selanjutnya, dari Persamaan (33) – (36) diperoleh ketika  $i \neq 0$ , maka titik ekuilibrium endemik adalah  $E_2^*(s_2^*, v_2^*, i_2^*, r_2^*) = \left( \frac{\gamma + \mu}{\beta}, p, \frac{\mu}{\beta} (\mathcal{R}_v - 1), \frac{\gamma}{\beta} (\mathcal{R}_v - 1) \right)$  dengan syarat  $\mathcal{R}_v > 1$ .

## 2.3 Analisis Kestabilan Lokal pada Model SVIR

Matriks Jacobian untuk Persamaan (29) – (32) yaitu:

$$J = \begin{pmatrix} -\beta i - \mu & 0 & -\beta s & 0 \\ 0 & -\mu & 0 & 0 \\ \beta i & 0 & \beta s - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix} \quad (37)$$

### 2.3.1 Analisis Kestabilan Lokal di Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Matriks Jacobian di persekitaran titik ekuilibrium bebas penyakit dapat diperoleh dengan mensubstitusikan  $E_2^0$  ke Persamaan (37) sehingga didapat:

$$J_{E_2^0} = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & -\beta(1-p) & 0 \\ 0 & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta(1-p) - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}$$

dengan persamaan karakteristik yaitu:

$$\left| \begin{pmatrix} -\mu - \lambda & 0 & -\beta(1-p) & 0 \\ 0 & -\mu - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta(1-p) - \gamma - \mu - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu - \lambda \end{pmatrix} \right| = 0$$

$$(-\mu - \lambda)(-\mu - \lambda)(-\mu - \lambda)(\beta(1-p) - \gamma - \mu - \lambda) = 0$$

Dari persamaan karakteristik tersebut diperoleh nilai eigen  $Re(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4) < 0$  sehingga berdasarkan Teorema 3, titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik lokal dengan syarat  $\mathcal{R}_v < 1$ .

### 2.3.2 Analisis Kestabilan Lokal di Titik Ekuilibrium Endemik

Matriks Jacobian di persekitaran titik ekuilibrium bebas penyakit dapat diperoleh dengan mensubstitusikan  $E_2^*$  ke Persamaan (33) sehingga didapat:

$$J_{E_2^*} = \begin{pmatrix} -\mu\mathcal{R}_v & 0 & -\gamma - \mu & 0 \\ 0 & -\mu & 0 & 0 \\ \mu(\mathcal{R}_v - 1) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}$$

dengan persamaan karakteristik yaitu:

$$\left| \begin{pmatrix} -\mu\mathcal{R}_v - \lambda & 0 & -\gamma - \mu & 0 \\ 0 & -\mu - \lambda & 0 & 0 \\ \mu(\mathcal{R}_v - 1) & 0 & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu - \lambda \end{pmatrix} \right| = 0$$

$$(-\mu - \lambda)(-\mu - \lambda)(\lambda^2 + \mu\mathcal{R}_v\lambda + (\mu^2(\mathcal{R}_v - 1) + \gamma\mu(\mathcal{R}_v - 1))) = 0$$

Dari persamaan karakteristik tersebut diperoleh nilai eigen  $Re(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4) < 0$  sehingga berdasarkan Teorema 3, titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik lokal dengan syarat  $\mathcal{R}_v > 1$ .

## 3. Analisis Sensitivitas pada Bilangan Reproduksi Dasar

Berdasarkan Definisi 4, analisis sensitivitas dilakukan dengan menghitung indeks sensitivitas dari setiap parameter menggunakan Persamaan (5), yaitu dengan mencari turunan dari setiap parameter. Saat mencari turunan dari suatu parameter, maka parameter lain diasumsikan konstan.

### 3.1 Analisis Sensitivitas pada Bilangan Reproduksi Dasar Model SIR

Rumus indeks sensitivitas setiap parameter untuk model SIR disajikan dalam Tabel 1 berikut.

**Tabel 1.** Indeks sensitivitas model SIR

Parameter	Rumus Indeks Sensitivitas
$\mu$	$S_{\mu}^{\mathcal{R}_0} = -\frac{\mu}{\gamma + \mu}$
$\beta$	$S_{\beta}^{\mathcal{R}_0} = 1$
$\gamma$	$S_{\gamma}^{\mathcal{R}_0} = -\frac{\gamma}{\gamma + \mu}$

Dari Tabel 1 terlihat bahwa indeks sensitivitas, untuk parameter  $\mu$ , dan  $\gamma$  bernilai negatif, jika salah satu dari nilai parameter tersebut diperbesar sedangkan parameter lainnya dianggap konstan, nilai  $\mathcal{R}_0$  akan menurun, begitu pun sebaliknya. Selain itu, parameter  $\beta$  bernilai positif, artinya peningkatan nilai  $\beta$  menyebabkan peningkatan nilai  $\mathcal{R}_0$ , begitu pun sebaliknya.

### 3.2 Analisis Sensitivitas pada Bilangan Reproduksi Dasar Model SVIR

Rumus indeks sensitivitas setiap parameter untuk model SVIR disajikan dalam Tabel 2 berikut.

**Tabel 2.** Indeks sensitivitas model SVIR

Parameter	Rumus Indeks Sensitivitas
$p$	$S_p^{\mathcal{R}_v} = -\frac{p}{(1-p)}$
$\mu$	$S_{\mu}^{\mathcal{R}_v} = -\frac{\mu}{\gamma + \mu}$
$\beta$	$S_{\beta}^{\mathcal{R}_v} = 1$
$\gamma$	$S_{\gamma}^{\mathcal{R}_v} = -\frac{\gamma}{\gamma + \mu}$

Dari Tabel 2 terlihat bahwa indeks sensitivitas, untuk parameter  $p$ ,  $\mu$ , dan  $\gamma$  bernilai negatif, ini menunjukkan bahwa jika salah satu dari nilai parameter tersebut diperbesar dengan parameter lainnya dianggap konstan, nilai  $\mathcal{R}_v$  akan menurun, begitu pun sebaliknya. Selain itu, diketahui parameter  $\beta$  bernilai positif yang berarti peningkatan nilai  $\beta$  menyebabkan peningkatan nilai  $\mathcal{R}_v$ , begitu pun sebaliknya.

## 4. Simulasi Numerik

Masing-masing model akan disajikan simulasi numerik untuk analisis sensitivitas, analisis kestabilan, dan simulasi numerik untuk melihat pengaruh variasi parameter  $p$  terhadap subpopulasi *Infected*.

### 4.1 Simulasi Numerik untuk Analisis Sensitivitas

#### 4.1.1 Simulasi Numerik untuk Analisis Sensitivitas Model SIR

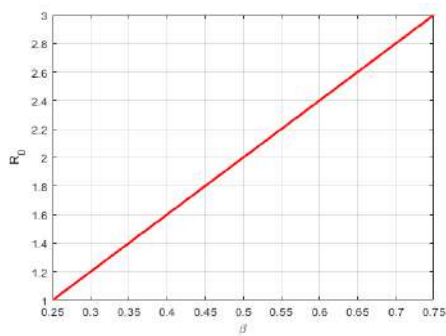
Berikut disajikan nilai parameter dan nilai indeks sensitivitas pada bilangan reproduksi dasar model SIR, yaitu  $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$ .

**Tabel 3.** Nilai parameter dan hasil analisis sensitivitas model SIR

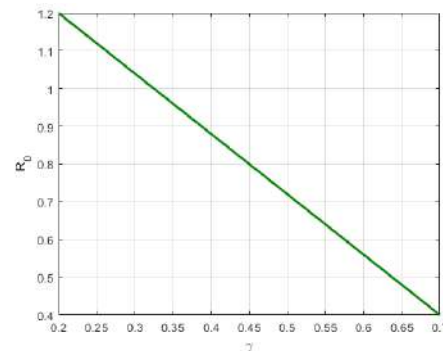
Parameter ( $l$ )	Nilai	Nilai indeks sensitivitas ( $S_l^{\mathcal{R}_0}$ )
$\mu$	0,05	-0,11
$\beta$	0,3	1
$\gamma$	0,4	-0,88

Berdasarkan Tabel 3, dapat dilihat bahwa parameter  $\beta$  (laju penularan) memiliki pengaruh yang signifikan dibandingkan dengan parameter lainnya, yang menyebabkan peningkatan nilai  $\mathcal{R}_0$  jika nilai parameter tersebut dinaikkan. Di sisi lain, parameter  $\mu$  (laju kelahiran/kematian) dan  $\gamma$  (laju kesembuhan) sama-sama bernilai negatif yang menyebabkan penurunan nilai  $\mathcal{R}_0$  jika nilai parameter tersebut dinaikkan. Jika tingkat penyebaran penyakit dapat ditekan, maka nilai parameter  $\beta$  perlu diturunkan dan nilai parameter  $\gamma$  perlu dinaikkan.

Pengaruh perubahan nilai  $\beta$  dan  $\gamma$  terhadap nilai  $\mathcal{R}_0$  disajikan dalam Gambar 3 dan 4 berturut-turut.



**Gambar 3.** Perubahan nilai  $\mathcal{R}_0$  terhadap variasi nilai  $\beta$



**Gambar 4.** Perubahan nilai  $\mathcal{R}_0$  terhadap variasi nilai  $\gamma$

#### 4.1.2 Simulasi Numerik untuk Analisis Sensitivitas Model SVIR

Berikut disajikan nilai parameter dan nilai indeks sensitivitas pada bilangan reproduksi dasar model SVIR, yaitu  $\mathcal{R}_v = \frac{\beta(1-p)}{\gamma+\mu}$ .

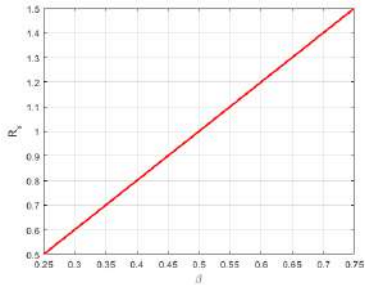
**Tabel 4.** Nilai parameter dan hasil analisis sensitivitas model SVIR

Parameter ( $l$ )	Nilai	Nilai indeks sensitivitas ( $S_l^{\mathcal{R}_0}$ )
$p$	0,5	-1
$\mu$	0,05	-0,11
$\beta$	0,3	1
$\gamma$	0,4	-0,88

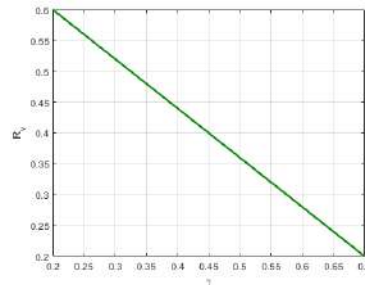
Berdasarkan Tabel 4, dapat dilihat bahwa parameter  $\beta$  (laju penularan) memiliki pengaruh yang signifikan dibandingkan dengan parameter lainnya, yang menyebabkan peningkatan nilai  $\mathcal{R}_v$ , jika nilai parameter tersebut dinaikkan. Di sisi lain, parameter  $p$  (proporsi populasi yang telah divaksinasi) memiliki pengaruh yang signifikan dibandingkan dengan parameter lainnya, yang menyebabkan

penurunan nilai  $\mathcal{R}_v$  jika nilai parameter tersebut dinaikkan. jika tingkat penyebaran penyakit ditekan, maka nilai parameter  $\beta$  perlu diturunkan dan nilai parameter  $p$  dan  $\gamma$  perlu dinaikkan.

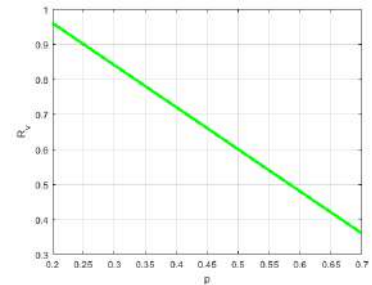
Pengaruh perubahan nilai  $\beta$ ,  $\gamma$ , dan  $p$  terhadap nilai  $\mathcal{R}_v$  disajikan dalam Gambar 5, 6, dan 7 secara berturut-turut.



**Gambar 5.** Perubahan nilai  $\mathcal{R}_v$  terhadap variasi nilai  $\beta$



**Gambar 6.** Perubahan nilai  $\mathcal{R}_v$  terhadap variasi nilai  $\gamma$



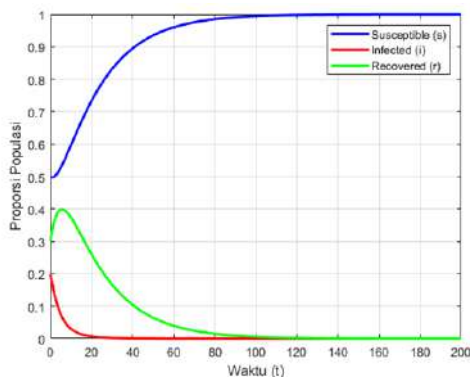
**Gambar 7.** Perubahan nilai  $\mathcal{R}_v$  terhadap variasi nilai  $p$

## 4.2 Simulasi Numerik untuk Analisis Kestabilan

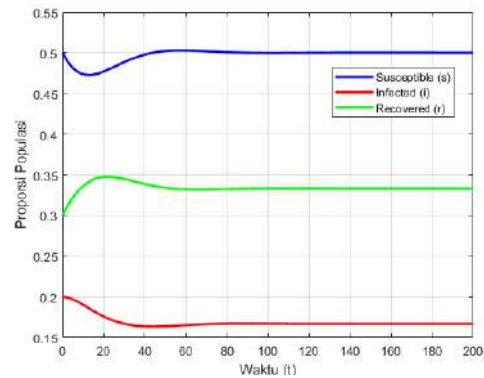
### 4.2.1 Simulasi Numerik untuk Analisis Kestabilan Model SIR

(1) Titik ekuilibrium bebas penyakit ( $E_1^0$ )

Diberikan nilai awal untuk setiap subpopulasi yaitu  $s(0) = 0,5$ ;  $i(0) = 0,2$ ;  $r(0) = 0,3$  dan nilai parameter yaitu  $\mu = 0,05$ ;  $\beta = 0,3$ ;  $\gamma = 0,3$ . Simulasi pada titik ekuilibrium  $E_1^0$  dapat ditentukan dengan menyelesaikan solusi numerik model menggunakan metode Runge-Kutta orde 4 yang dimulai dengan mensubstitusi nilai parameter ke Persamaan (9) – (11) dengan interval  $[0, 200]$ . Grafik solusi numerik disajikan pada Gambar 8.



**Gambar 8.** Solusi numerik untuk  $E_1^0$



**Gambar 9.** Solusi numerik untuk  $E_1^*$

Dari Gambar 8 terlihat bahwa subpopulasi *Susceptible*, *Infected*, dan *Recovered* akan menuju titik ekuilibrium  $E_1^0$  sehingga dapat disimpulkan bahwa pada kondisi ini, subpopulasi tersebut stabil asimtotik ke  $E_1^0$ . Artinya, pada suatu waktu, populasi akan terbebas dari penyebaran penyakit menular.

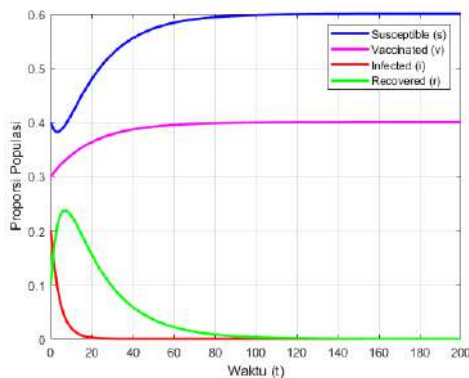
(2) Titik ekuilibrium endemik ( $E_1^*$ )

Simulasi numerik untuk model SIR pada titik ekuilibrium endemik ( $E_1^*$ ) menggunakan nilai awal dan nilai parameter yang memenuhi syarat  $\mathcal{R}_0 > 1$ , yaitu  $s(0) = 0,5$ ;  $i(0) = 0,2$ ;  $r(0) = 0,3$  dan nilai parameter yaitu  $\mu = 0,05$ ;  $\beta = 0,3$ ;  $\gamma = 0,1$ . Simulasi pada titik ekuilibrium  $E_1^*$  dapat ditentukan dengan menyelesaikan solusi numerik model menggunakan metode Runge-Kutta orde empat yang dimulai dengan mensubstitusi nilai parameter ke Persamaan (9) – (11) dengan interval  $[0, 200]$ . Grafik solusi numerik disajikan pada Gambar 9, terlihat bahwa subpopulasi *Susceptible*, *Infected*, dan *Recovered* akan menuju titik ekuilibrium  $E_1^*$ , artinya, penyebaran penyakit menular akan terus terjadi dalam populasi dari waktu ke waktu.

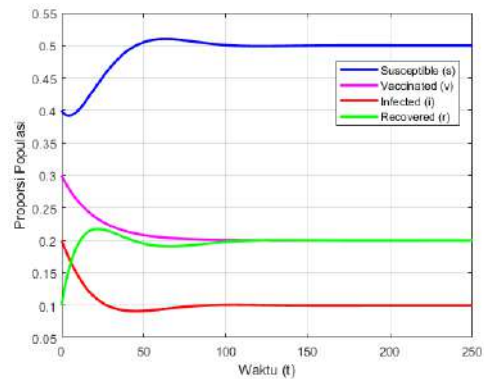
4.2.2 Simulasi Numerik untuk Analisis Kestabilan Model SVIR

(1) Titik ekuilibrium bebas penyakit ( $E_2^0$ )

Diberikan nilai awal untuk setiap subpopulasi yaitu  $s(0) = 0,4$ ;  $v(0) = 0,3$ ;  $i(0) = 0,2$ ;  $r(0) = 0,1$  dan nilai parameter yaitu  $p = 0,4$ ;  $\mu = 0,05$ ;  $\beta = 0,3$ ;  $\gamma = 0,3$ . Simulasi pada titik ekuilibrium  $E_2^0$  dapat ditentukan dengan menyelesaikan solusi numerik model menggunakan metode Runge-Kutta orde empat yang dimulai dengan mensubstitusi nilai parameter ke Persamaan (29) – (32) dengan interval  $[0, 200]$ . Grafik solusi numerik disajikan pada Gambar 10.



Gambar 10. Solusi numerik untuk  $E_2^0$



Gambar 11. Solusi numerik untuk  $E_2^0$

Dari Gambar 10 terlihat bahwa subpopulasi *Susceptible*, *Vaccinated*, *Infected*, dan *Recovered* akan menuju titik ekuilibrium  $E_2^0$ , artinya, pada suatu waktu, populasi akan terbebas dari penyebaran penyakit menular.

(2) Titik ekuilibrium endemik ( $E_2^*$ )

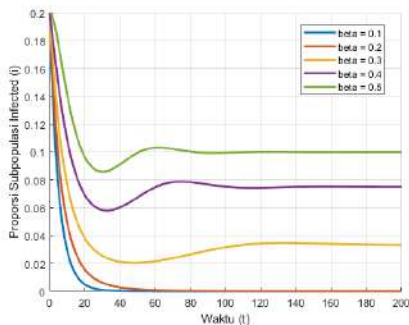
Simulasi numerik untuk model SVIR pada titik ekuilibrium endemik ( $E_2^*$ ) menggunakan nilai awal dan nilai parameter yang memenuhi syarat  $\mathcal{R}_0 > 1$ , yaitu  $s(0) = 0,4$ ;  $v(0) = 0,3$ ;  $i(0) = 0,2$ ;  $r(0) = 0,1$  dan nilai parameter yaitu  $p = 0,2$ ;  $\mu = 0,05$ ;  $\beta = 0,3$ ;  $\gamma = 0,1$ . Simulasi titik ekuilibrium  $E_2^*$  dapat ditentukan dengan menyelesaikan solusi numerik model menggunakan metode Runge-Kutta orde empat yang dimulai dengan mensubstitusi nilai parameter ke Persamaan (29) – (32), dengan interval  $[0, 250]$ . Grafik solusi numerik



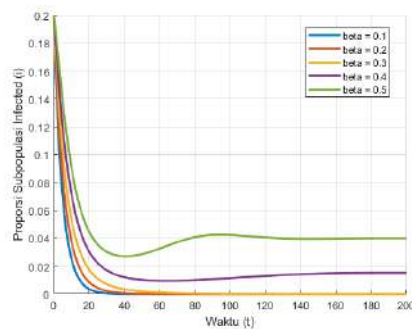
disajikan pada Gambar 11, terlihat bahwa subpopulasi *Susceptible*, *Vaccinated*, *Infected*, dan *Recovered* akan menuju titik ekuilibrium  $E_2^*$ , artinya, penyebaran penyakit menular akan terus terjadi dalam populasi dari waktu ke waktu.

#### 4.3 Simulasi Numerik untuk Melihat Pengaruh Variasi Parameter $\beta$ dan $p$ terhadap Subpopulasi *Infected*

Berikut disajikan simulasi numerik untuk melihat pengaruh variasi parameter  $\beta$  terhadap subpopulasi *Infected* pada model SIR dan SVIR pada Gambar 12 dan Gambar 13 secara berturut-turut.



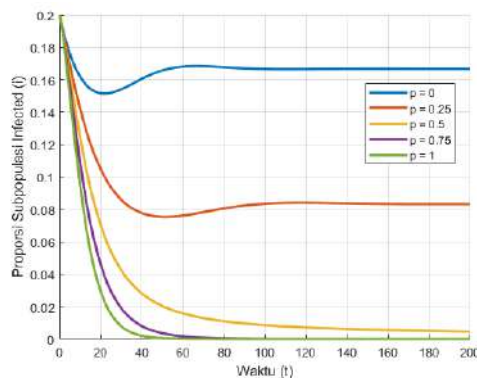
**Gambar 12.** Pengaruh variasi parameter  $\beta$  terhadap *Infected* pada Model SIR



**Gambar 13.** Pengaruh variasi parameter  $\beta$  terhadap *Infected* pada Model SVIR

Dari Gambar 12 dan Gambar 13 terlihat bahwa laju penularan ( $\beta$ ) mempengaruhi seberapa cepat infeksi menyebar dalam populasi. Semakin besar laju penularan, maka semakin besar pula proporsi subpopulasi *Infected*. Namun, jika pengaruh  $\beta$  dari kedua model dibandingkan, terlihat bahwa proporsi subpopulasi *Infected* model SVIR lebih kecil daripada model SIR. Ini artinya meskipun laju penularan meningkat, vaksinasi memiliki dampak yang signifikan dalam membatasi penularan sehingga subpopulasi *Infected* cenderung lebih terkendali.

Berikut disajikan simulasi numerik untuk melihat pengaruh variasi parameter  $p$  terhadap subpopulasi *Infected* pada model SVIR.



**Gambar 14.** Pengaruh variasi parameter  $p$  terhadap subpopulasi *Infected* pada model SVIR

Gambar 14 menunjukkan bahwa semakin besar proporsi subpopulasi *Susceptible* yang divaksin, maka semakin efektif pula vaksinasi dalam mengurangi proporsi subpopulasi *Infected*. Ketika  $p = 1$  (vaksinasi penuh), infeksi berkurang bahkan menuju 0. Sebaliknya, pada  $p = 0$  (tanpa vaksinasi), infeksi akan menyebar dengan lebih besar dan proporsi subpopulasi *Infected* semakin meningkat. Kondisi  $p = 0$  pada model SVIR menyebabkan model berubah menjadi model SIR.

## KESIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan, diperoleh bentuk model SIR dan SVIR pada penyakit menular. Kedua model tersebut memiliki dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Jenis kestabilan lokal titik ekuilibrium kedua model adalah stabil asimtotik. Selanjutnya, analisis sensitivitas menunjukkan parameter yang paling sensitif terhadap perubahan bilangan reproduksi dasar jika diurutkan dari yang terbesar untuk model SIR adalah  $\beta$ ,  $\mu$ , dan  $\gamma$ . Sedangkan, untuk model SVIR adalah  $\beta$ ,  $\mu$ ,  $\gamma$ , dan  $p$ . Hasil simulasi numerik untuk analisis sensitivitas, analisis kestabilan, dan simulasi numerik untuk melihat pengaruh perubahan parameter terhadap subpopulasi *Infected* mendukung hasil analisis.

## REFERENSI

- Bellomo, N., Preziosi, L., & Romano, A. (2000). Mechanics and Dynamical Systems with Mathematica. *Meccanica*. Vol. 35(3), 297–298. <https://doi.org/10.1023/A:1010356605992>
- Braun, M. (2013). Differential Equations and Their Application. In *Journal of Chemical Information and Modeling*. Vol. 53(9).
- Chauhan, S., Misra, O. P., Dhar, J., & Prakash Misra, O. (2014). Stability Analysis of SIR Model with Vaccination Effect of toxic metal on the structural dry weight of a plant: A Model View project Modelling Effects of Eutrophication on the Survival of Fish Population Incorporating Nutrient Recycling View project Stability Analysis of Sir Model with Vaccination. *American Journal of Computational and Applied Mathematics*. Vol. 2014(1), 17–23. <https://doi.org/10.5923/j.ajcam.20140401.03>
- Chitnis, N., Hyman, J. M., & Cushing, J. M. (2008). Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model. *Bulletin of Mathematical Biology*. Vol. 70(5), 1272–1296. <https://doi.org/10.1007/s11538-008-9299-0>
- Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction Numbers and Sub-threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*. Vol. 180(2002), 29–48.
- Giesecke, J. (2017). *Modern Infectious Disease Epidemiology* (Third Edit). Taylor & Francis Group.
- Harianto, J., & Suparwati, T. (2017). Local Stability Analysis of an SVIR Epidemic Model. *CAUCHY: Jurnal Matematika Murni Dan Aplikasi*. Vol. 5(1), 20–28. <https://doi.org/10.18860/ca.v5i1.4388>

- Karim, M. A., & Yulida, Y. (2021). Analisis Kestabilan dan Sensitivitas pada Model Matematika SEIRD dari Penyebaran COVID-19: Studi Kasus di Kalimantan Selatan. *Jurnal Binawakya*. Vol. 16(5), 7003.
- Kemenkes RI. (2014). *Peraturan Menteri Kesehatan Republik Indonesia Nomor 82 Tahun 2014 Tentang Penanggulangan Penyakit Menular*.
- Kemenkes RI. (2022). *PMK No. 13 Tahun 2022 tentang Rencana Strategis Kemenkes Th 2020 2024 signed*.
- Malorung, F., Blegur, M., Pangaribuan, R. M., & Ndi, M. Z. (2018). Analisis Sensitivitas Model Matematika Penyebaran Penyakit Dengan Vaksinasi. *Jurnal Matematika Integratif*. Vol. 14(1), 9. <https://doi.org/10.24198/jmi.v14.n1.16000.9-15>
- Martcheva, M. (2015). *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer. New York.
- WHO. (2021). *Vaccine efficacy, effectiveness and protection*.
- Widowati, & Sutimin. (2007). *Pemodelan Matematika*.
- Wiggins, S. (2023). *Ordinary Differential Equations*.