



PEMODELAN MATEMATIKA PENYEBARAN COVID-19 DENGAN MODEL SVEIR

Gian Septiansyah¹, Muhammad Ahsar Karim², Yuni Yulida^{2a}

¹Mahasiswa Program Studi Matematika Fakultas MIPA Universitas Lambung Mangkurat

²Program Studi Matematika Fakultas MIPA Universitas Lambung Mangkurat

^aKelompok Keahlian: Matematika Lingkungan dan Industri

Jl. A. Yani KM. 36, Banjarbaru 70714, Kalimantan Selatan

Email: m_ahsar@ulm.ac.id

ABSTRACT

Coronavirus disease 2019 or also known as Covid-19 is a disease caused by a type of coronavirus called Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) or better known as the corona virus. Covid-19 become a pandemic since 2020 and has been widely studied, one of which is in mathematical modeling. In this study, the spread of Covid-19 is modeled using the SVEIR (Susceptible, Vaccination, Exposed, Infected, and Recovered) model. The purpose of this study explains the formation of the Covid-19 SVEIR model, determines the equilibrium point, determines the basic reproduction number, and analyzes the stability of the Covid-19 SVEIR model. The purpose of this study explains the formation of the Covid-19 SVEIR model, determines the equilibrium point, the basic reproduction number, and analyzes the stability of the Covid-19 SVEIR model. The result of this study is to explain the formation of the Covid-19 SVEIR model and obtained two equilibrium points, the disease-free equilibrium point and the endemic equilibrium point. Furthermore, the basic reproduction number (R_0) is obtained through the Next Generation Matrix method. The results of the stability analysis at the disease-free equilibrium point were locally asymptotically stable with conditions $R_0 < 1$ while at the endemic equilibrium point local asymptotically stable with conditions $R_0 > 1$. The natural death rate is greater than the effective contact rate. A numerical simulation is presented to show a comparison spread of Covid-19 by providing different levels of vaccine effectiveness using the fifth order Runge-Kutta method.

Keywords: Mathematical modeling, covid-19, SVEIR model, and vaccine effectiveness.

ABSTRAK

Coronavirus disease 2019 atau disebut juga Covid-19 adalah penyakit yang disebabkan oleh jenis *coronavirus* yang diberi nama Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) atau yang lebih dikenal dengan virus corona. Covid-19 telah menjadi pandemi sejak tahun 2020 dan telah banyak dikaji salah satunya dalam pemodelan matematika. Dalam penelitian ini, penyebaran Covid-19 dimodelkan dengan menggunakan model SVEIR (*Susceptible, Vaccination, Exposed, Infected, dan Recovered*). Tujuan dari penelitian ini adalah menjelaskan pembentukan model SVEIR Covid-19, menentukan titik ekuilibrium, menentukan bilangan reproduksi dasar, dan menganalisa kestabilan model SVEIR Covid-19. Hasil dari penelitian ini adalah menjelaskan terbentuknya model SVEIR Covid-19 dan diperoleh dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Selanjutnya, diperoleh bilangan reproduksi dasar (R_0) melalui metode *Next Generation Matrix*. Hasil analisis kestabilan di titik ekuilibrium bebas penyakit adalah stabil asimtotik lokal dengan syarat $R_0 < 1$, sedangkan di titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik lokal dengan syarat $R_0 > 1$ dan tingkat kematian alami lebih besar dari tingkat kontak efektif. Simulasi numerik disajikan untuk menunjukkan

perbandingan penyebaran Covid-19 dengan memberikan tingkat efektivitas vaksin berbeda menggunakan metode Runge-Kutta orde lima.

Kata Kunci: Pemodelan matematika; covid-19; model SVEIR; dan efektivitas vaksin

Received: 3 Oktober 2022, Accepted: 3 November 2022, Published: 1 Desember 2022

PENDAHULUAN

Pemodelan matematika adalah salah satu ilmu yang bertujuan untuk menjelaskan masalah-masalah yang ada di dunia nyata dalam bahasa matematika sehingga mudah untuk dipahami. Pemodelan matematika memiliki manfaat, salah satunya di bidang kesehatan, yaitu mempelajari penyebaran penyakit atau dalam bidang kajian disebut juga dengan epidemiologi.

Salah satu model matematika yaitu model SEIR (*Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered*) pada model ini populasi dibagi menjadi empat kompartemen yaitu rentan terinfeksi (*S*), memiliki gejala infeksi (*E*), terinfeksi (*I*), dan sembuh (*R*). Seiring dengan penemuan terhadap penyakit-penyakit baru model ini pun berkembang, seperti penambahan kompartemen baru yaitu populasi orang-orang yang telah divaksin (*V*) sehingga menjadi model SVEIR. Model SVEIR dimodifikasi untuk menyesuaikan pada kasus dengan penambahan populasi yang mendapatkan vaksin (Anderson & May, 1992)

Sejak Bulan Desember Tahun 2019, dunia dihebohkan dengan kejadian yang membuat banyak orang menjadi resah, yaitu penyebaran virus corona atau lebih dikenal dengan Covid-19. Pada awalnya, virus ini diduga akibat paparan di pasar makanan laut Huanan Wuhan di Tiongkok yang menjual banyak spesies hewan hidup. Penyakit ini dengan cepat menyebar ke seluruh China hingga menyebar ke negara-negara lain (Putri, 2020)

Kasus Covid-19 atau lebih populer dengan nama virus corona, pertama kali terjadi di Wuhan, China pada 17 November 2019, kemudian mulai menyebar ke Eropa, Amerika, bahkan ke seluruh dunia sejak Desember 2019. WHO secara resmi mengumumkan kasus Covid-19 sebagai pandemi global pada 11 Maret 2020 akibat tingkat penyebarannya yang telah meluas ke banyak negara. Dalam waktu kurang dari tiga bulan, sudah lebih dari 120 ribu orang telah terinfeksi Covid-19 diberbagai negara.. Di Indonesia, hasil investigasi kasus Covid-19 pertama dikonfirmasi pada 2 Maret 2020. Adanya pandemi Covid-19, membuat para peneliti melakukan riset atas masalah ini hingga memunculkan berbagai penelitian seperti prediksi puncak wabah Covid-19

dan cara mengurangi penyebaran Covid-19 dengan menggunakan vaksin (Kemenkes RI, 2020)

Vaksin merupakan salah satu cara terpenting dan tepat guna untuk mencegah penyakit dan menjaga kondisi tubuh. Vaksin, yang juga sering disebut imunisasi, membantu menciptakan kekebalan untuk melindungi tubuh dari infeksi (Biofarma, 2022). Berbagai jenis vaksin Covid-19 telah banyak dikembangkan untuk mengatasi dan mencegah penularan Covid-19. Pada 2 April 2022, WHO mengumumkan hasil analisa dan penilaian terhadap sembilan vaksin Covid-19 yang dinyatakan memenuhi syarat keselamatan. Vaksin-vaksin tersebut memiliki efektivitas bermacam-macam mulai dari 62% hingga 95% terhadap infeksi Covid-19 (WHO, 2022).

Penelitian mengenai pemodelan Covid-19 ini telah banyak dilakukan pada beberapa tahun terakhir, salah satunya oleh (Yulida & Karim, 2020), yang membahas mengenai model Covid-19 di Kalimantan Selatan menggunakan model SIR. Kemudian, (Karim & Yulida, 2021) menentukan parameter yang paling mempengaruhi penyebaran penyakit Covid-19 di Kalimantan Selatan. Selanjutnya, (Jannah et al., 2021) membahas Model SEIR untuk penyakit Covid-19 dengan adanya vaksin. dan beberapa penelitian tentang model SVEIR, salah satunya Saputri (2014) menganalisis kestabilan model SVEIR pada penyakit difteri. Kemudian (Gao et al., 2018) menganalisis stabilitas global dari model epidemi SVEIR dengan tingkat kejadian umum Selain itu juga, (Nabti & Ghanbari, 2021) menganalisis stabilitas global dari model epidemi SVEIR fraksional.

Pada penelitian ini, penyebaran Covid-19 akan dianalisis dengan menggunakan pemodelan matematika epidemiologi. Model matematika yang digunakan adalah model SVEIR yaitu *Susceptible, Vaccine, Exposed, Infected* dan *Recovered*. Penelitian ini bertujuan untuk menjelaskan terbentuknya model SVEIR Covid-19, menentukan titik ekuilibrium dan bilangan reproduksi dasar model, menganalisis kestabilan model, dan simulasi numerik disajikan untuk menunjukkan perbandingan penyebaran Covid-19 dengan memberikan tingkat efektivitas vaksin berbeda menggunakan metode Runge-Kutta Orde lima.

TINJAUAN PUSTAKA

Sistem Persamaan Diferensial

Persamaan diferensial yang terdiri dari dua atau lebih persamaan yang saling simultan disebut sistem persamaan diferensial. Sistem persamaan diferensial dapat dikategorikan menjadi sistem persamaan diferensial linear dan sistem persamaan diferensial nonlinear.

Bentuk umum dari sistem persamaan diferensial linier sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dx_1}{dt} &= a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1n}x_n + g_1(t) \\ \frac{dx_2}{dt} &= a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2n}x_n + g_2(t) \\ &\vdots \\ \frac{dx_n}{dt} &= a_{n1}x_1 + a_{n2}x_2 + \dots + a_{nn}x_n + g_n(t) \end{aligned} \tag{1}$$

dengan koefisien a_{ij} adalah konstanta ($i, j = 1, 2, \dots, n$) dan $g_i(t)$ adalah fungsi dalam t .

Persamaan (1) dikatakan nonhomogen jika terdapat fungsi $g_i(t) \neq 0$ dan dikatakan homogen jika setiap fungsi $g_i(t) = 0$ sehingga dapat ditulis sebagai berikut:

$$\frac{dx}{dt} = \mathbf{A}\mathbf{x} \tag{2}$$

dengan,

$$\mathbf{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix}, \quad \frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \frac{dx_2}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} \end{bmatrix}, \quad \mathbf{A} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} \end{bmatrix}$$

(Cain & Reynolds, 2010)

Berikut diberikan bentuk Sistem persamaan diferensial nonlinier yaitu

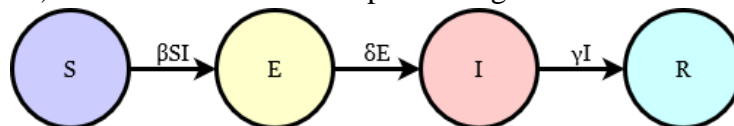
$$\frac{dx}{dt} = \mathbf{F}(\mathbf{x}) \tag{3}$$

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

(Cain & Reynolds, 2010b).

Model Epidemik

Salah satu model matematika yaitu model epidemik SEIR (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*). Gambar 1 berikut merupakan diagram model SEIR.



Gambar 1. Diagram Model SEIR

Dari Gambar 1, Model SEIR dinyatakan dalam bentuk rumusan matematika yang diklasifikasikan sebagai sistem persamaan diferensial nonlinier sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \frac{-\beta SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \delta E \\ \frac{dI}{dt} &= \delta E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}\tag{4}$$

dengan:

- β : Tingkat infeksi atau penularan.
- δ : Tingkat perkembangan gejala klinis.
- γ : Tingkat kesembuhan individu yang terinfeksi oleh penyakit.
- $S(t)$: Jumlah individu yang rentan terhadap penyakit pada waktu t .
- $E(t)$: Jumlah individu yang memiliki gejala penyakit pada waktu t .
- $I(t)$: Jumlah individu yang terinfeksi pada waktu t .
- $R(t)$: Jumlah individu yang telah sembuh dari infeksi pada waktu t .
- $N(t)$: Total populasi yang diamati, yaitu $N(t) = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$

(Anderson & May, 1992)

Titik Ekuilibrium dan Linierisasi

Berikut diberikan definisi titik ekuilibrium, sebagai berikut (Lynch, 2014):

Definisi 1

Suatu titik disebut titik ekuilibrium dari Persamaan (3) jika memenuhi $\mathbf{F}(\hat{\mathbf{x}}) = \mathbf{0}$.

Analisis kestabilan lokal adalah kestabilan yang hanya berlaku dipersekitaran titik ekuilibrium. Untuk menganalisa kestabilan di titik ekuilibrium diperlukan proses linierisasi pada Persamaan (3) dengan menggunakan deret Taylor di persekitaran titik ekuilibrium didapat matriks Jacobian sebagai berikut (Bellomo & Preziosi, 1995)

$$\mathbf{J} = \frac{\partial \mathbf{F}(\hat{\mathbf{x}})}{\partial \mathbf{x}} = \begin{pmatrix} \frac{\partial F_1(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_1} & \frac{\partial F_1(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_1(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_n} \\ \frac{\partial F_2(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_1} & \frac{\partial F_2(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_2(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial F_n(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_1} & \frac{\partial F_n(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_n(\hat{\mathbf{x}})}{\partial x_n} \end{pmatrix}$$

Setelah diperoleh matriks Jacobian, kemudian akan ditentukan nilai eigen. Berikut teorema nilai eigen sebagai berikut

Teorema 2

Jika matriks A berukuran $n \times n$, maka λ adalah nilai eigen dari matriks A jika dan hanya jika memenuhi persamaan,

$$\det(\mathbf{A} - \lambda \mathbf{I}) = 0 \quad (5)$$

dengan \mathbf{I} matriks identitas. Persamaan (5) disebut Persamaan karakteristik dari matriks \mathbf{A} . (Cain & Reynolds, 2010)

Selanjutnya, diberikan definisi nilai eigen dominan sebagai berikut:

Definisi 3

Diberikan matriks \mathbf{A} sebagai berikut:

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} \end{bmatrix}$$

Misalkan m_1, m_2, \dots, m_k merupakan nilai eigen yang berbeda dari matriks \mathbf{A} , dan jika $|m_1|$ lebih besar dari $|m_2|, \dots, |m_k|$, maka m_1 disebut nilai eigen dominan dari \mathbf{A} . Setiap vektor eigen yang bersesuaian dengan nilai eigen dominan disebut vektor eigen dominan \mathbf{A} . (Anton & Rorres, 2013)

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar merupakan jumlah rata-rata banyaknya individu infeksi sekunder akibat tertular individu infeksi primer yang masuk sepenuhnya ke dalam populasi *susceptible*. Untuk menentukan nilai R_0 , pendekatan yang digunakan adalah menggunakan metode matriks *Next Generation* (\mathbf{G}) (Van den Driessche & Watmough, 2002), (Yulida & Karim, 2021), (Karim & Yulida, 2021)

Misalkan diberikan $a \in \mathbb{N}$ pada populasi terinfeksi dan $b \in \mathbb{N}$ pada populasi tidak terinfeksi. Selanjutnya, dimisalkan populasi terinfeksi disimbolkan sebagai \mathbf{x} dan populasi tidak terinfeksi disimbolkan sebagai \mathbf{y} , dengan $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^a$ dan $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^b$ sehingga,

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{x}}{dt} &= \mathbf{Z}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) - \mathcal{V}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \\ \frac{d\mathbf{y}}{dt} &= \mathbf{W}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \end{aligned} \quad (6)$$

Perhitungan nilai R_0 dapat dilakukan dengan cara melinearisasi Persamaan (6) di sekitar titik ekuilibrium bebas penyakit $(\mathbf{0}, \hat{\mathbf{y}})$ pada populasi terinfeksi, sehingga dapat ditulis:

$$\frac{d\mathbf{x}}{dt} = \mathbf{Z}(\mathbf{x}) - \mathbf{V}(\mathbf{x}), \text{ dengan } \mathbf{Z} = \left[\frac{\partial \mathcal{F}(\mathbf{0}, \hat{\mathbf{y}})}{\partial \mathbf{x}} \right] \text{ dan } \mathbf{V} = \left[\frac{\partial \mathcal{V}(\mathbf{0}, \hat{\mathbf{y}})}{\partial \mathbf{x}} \right]$$

Kemudian, matriks \mathbf{G} dinyatakan sebagai berikut:

$$R_0 = \rho(\mathbf{ZV}^{-1}) = \rho(\mathbf{G}) \quad (7)$$

Selanjutnya, diberikan potensi penyebaran suatu penyakit dalam populasi jika dilihat dari nilai R_0 yaitu jika $R_0 > 1$ maka penyakit akan menjadi pandemi, jika $R_0 =$

1 maka penyakit ada dalam populasi tapi tidak berpotensi mewabah, dan jika $R_0 < 1$ maka populasi akan terbebas dari wabah penyakit (bebas infeksi) (Ma & Li, 2009).

Kriteria Routh-Hurwitz

Nilai eigen dari suatu persamaan polinomial dapat ditentukan bagian riilnya bernilai negatif dengan menggunakan kriteria Routh-Hurwitz. Diberikan definisi kriteria Routh-Hurwitz, sebagai berikut:

Definisi 4

Diberikan persamaan polinomial sebagai berikut

$$f(\lambda) = a_0m^n + a_1m^{n-1} + a_2m^{n-2} + \dots + a_{n-1}m + a_n \tag{8}$$

dengan a_l bilangan real, $l = 1,2,3, \dots, n$ dan $a_0 \neq 0$. Persamaan (8) dapat dinyakan dalam Matriks Hurwitz berukuran $n \times n$ sebagai berikut:

$$H = \begin{bmatrix} a_1 & a_0 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & a_0 & \dots & 0 \\ a_5 & a_4 & a_3 & a_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{2n-1} & a_{2n-2} & a_{2n-3} & \dots & \dots & a_n \end{bmatrix} \tag{9}$$

Determinan tingkat ke- n dari matriks Routh-Hurwitz (9) dinotasikan dengan $\Delta_j; j = 1,2,3, \dots, n$. Determinan Routh-Hurwitz dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\Delta_1 = |a_1|, \Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix}, \Delta_3 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ a_5 & a_4 & a_3 \end{vmatrix}, \dots, \Delta_n = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & a_0 & \dots & 0 \\ a_5 & a_4 & a_3 & a_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{2n-1} & a_{2n-2} & a_{2n-3} & \dots & \dots & a_n \end{vmatrix}$$

Akar-akar dari Persamaan (8) memiliki bagian real yang negatif jika dan hanya jika determinan dari semua matriks Routh-Hurwitz (9) adalah positif, yaitu $\Delta_j > 0$; untuk $j = 1,2,3, \dots, n$. (Gantmacher, 2000)

Kemudian untuk menentukan jenis kestabilan digunakan teorema, sebagai berikut:

Teorema 5 (Bellomo & Preziosi, 1995)

Diberikan m_i adalah nilai eigen dari matriks Jacobian $n \times n$ di titik kesetimbangan \hat{x} dan $Re(m_i)$ adalah bagian riil dari m_i . Jika untuk setiap $i = 1,2,3, \dots, n$, $Re(m_i) < 0$ maka \hat{x} adalah stabil asimtotik. Jika terdapat $Re(m_i) > 0$ untuk suatu i maka \hat{x} adalah tidak stabil.).

METODE PENELITIAN

Berikut prosedur-prosedur yang digunakan pada penelitian ini.

- (1) Membentuk model matematika SVEIR Covid-19.
 - a. Menentukan asumsi dan parameter yang digunakan untuk membuat model penyebaran Covid-19 dengan adanya vaksin.
 - b. Membuat diagram alir penyebaran Covid-19 dengan adanya vaksin.
 - c. Menjelaskan terbentuknya model penyebaran Covid-19 dengan adanya vaksin.
- (2) Menentukan titik ekuilibrium model matematika SVEIR Covid-19.
- (3) Menentukan bilangan reproduksi dasar menggunakan *next generation matriks*.
 - a. Memisahkan system dan membagi menjadi 2 kelompok yaitu subpopulasi individu yang telah terinfeksi dan tidak terinfeksi penyakit.
 - b. Melinierisasi vector pada bagian (a) dan mensubstitusi titik ekuilibrium bebas penyakit.
 - c. Membentuk *next generation matriks*.
 - d. Menentukan nilai eigen dominan untuk memperoleh bilangan reproduksi dasar.
- (4) Menentukan analisis kestabilan di sekitar titik ekuilibrium.
- (5) Membuat simulasi model SVEIR menggunakan metode Runge-Kutta orde lima.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pembentukan Model Matematika SVEIR Covid-19

Corona virus disease atau yang dikenal dengan Covid-19 adalah virus yang menular dan dapat dimodelkan dengan menggunakan kompartemen yang sesuai berdasarkan karakteristik Covid-19. Populasi dikelompokkan menjadi 5 subpopulasi, sebagai berikut:

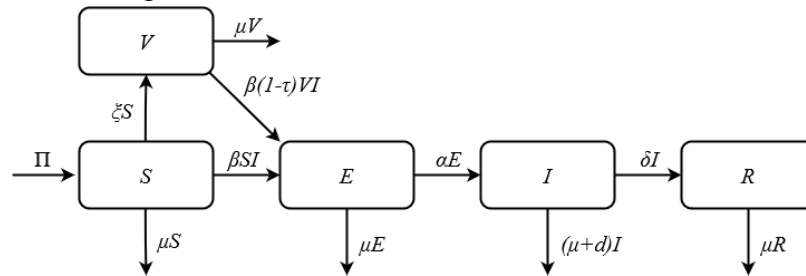
- a. Populasi *susceptible*, dinotasikan sebagai $S(t)$ yang menyatakan jumlah individu yang sehat tetapi rentan terinfeksi Covid-19 pada saat t .
- b. Populasi *vaccine*, dinotasikan sebagai $V(t)$ yang menyatakan jumlah individu yang kebal dari infeksi Covid-19 pada saat t .
- c. Populasi *exposed*, dinotasikan sebagai $E(t)$ yang menyatakan jumlah individu yang bergelaja Covid-19 pada saat t .
- d. Populasi *infected*, dinotasikan sebagai $I(t)$ yang menyatakan jumlah individu yang terinfeksi Covid-19 pada saat t .
- e. Populasi *recovered*, dinotasikan sebagai $R(t)$ yang menyatakan jumlah individu yang sembuh dari infeksi Covid-19 pada saat t .

Asumsi-asumsi yang digunakan pada model ini yaitu

- 1). Jumlah penambahan individu baru bernilai tetap.

- 2). Populasi *susceptible* akan menjadi populasi *vaccine* jika mendapatkan vaksinasi.
- 3). Populasi *vaccine* akan menjadi populasi *exposed* jika mengalami kontak efektif dengan populasi *infected* dan tingkat keberhasilan vaksin.
- 4). Populasi *susceptible* akan menjadi populasi *exposed* jika mengalami kontak efektif dengan populasi *infected*.
- 5). Populasi *exposed* akan menjadi populasi *infected* jika mengalami perkembangan gejala klinis.
- 6). Populasi *infected* akan menjadi populasi *recovered* jika sembuh secara alami.
- 7). Individu *infected* dapat mengalami kematian oleh Covid-19
- 8). Setiap individu mengalami tingkat kematian alami yang sama.

Motivasi pada penelitian ini adalah tulisan dari (Connell et al., 2006), (Wang & Xu, 2016), berikut diagram alir dari model matematika SVEIR Covid-19



Gambar 2. Diagram Alir Model Matematika SVEIR Covid-19

Berdasarkan Gambar 2, diperoleh model matematika SVEIR Covid-19 sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \Pi - \beta SI - \xi S - \mu S \\
 \frac{dV}{dt} &= \xi S - \beta(1 - \tau)VI - \mu V \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta SI + \beta(1 - \tau)VI - \alpha E - \mu E \\
 \frac{dI}{dt} &= \alpha E - \delta I - (\mu + d)I \\
 \frac{dR}{dt} &= \delta I - \mu R
 \end{aligned}
 \tag{10}$$

dengan:

- Π : Laju kelahiran tetap
- μ : Tingkat kematian alami
- β : Tingkat kontak efektif
- ξ : Tingkat cakupan vaksinasi
- τ : Proporsi kemanjuran vaksin
- α : Tingkat perkembangan gejala klinis
- δ : Tingkat pemulihan
- d : Tingkat kematian akibat penyakit

Menentukan Titik Ekuilibrium dan Bilangan Reproduksi Dasar

Berdasarkan Definisi 1, diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit dari Persamaan (10) yaitu: $\mathbf{P}_0 = \left(\frac{\Pi}{\xi+\mu}, \frac{\xi\Pi}{\mu(\xi+\mu)}, 0,0,0\right)$. Selanjutnya, ditentukan bilangan reproduksi dasar menggunakan Metode Matriks *Next Generation*.

Dari Persamaan (10), dikelompokkan populasi terinfeksi dan dinyatakan sebagai berikut:

$$\frac{d\bar{x}}{dt} = \begin{pmatrix} \frac{dV}{dt} \\ \frac{dE}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} = \mathcal{F} - \mathcal{V} = \begin{pmatrix} \xi S \\ \beta SI + (1-\tau)\beta VI \\ \alpha E \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} ((1-\tau)\beta I + \mu)V \\ (\alpha + \mu)E \\ (\delta + \mu + d)I \end{pmatrix}$$

Matriks Jacobian dari \mathcal{F} dan \mathcal{V} di titik ekuilibrium P_0 adalah:

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{((\mu+(1-\tau)\xi)\beta\Pi)}{\mu(\xi+\mu)} \\ 0 & \alpha & 0 \end{pmatrix} \text{ dan } \mathbf{V} = \begin{pmatrix} \mu & 0 & \frac{\beta\xi\Pi-\tau\beta\xi\Pi}{\mu(\xi+\mu)} \\ 0 & \alpha + \mu & 0 \\ 0 & 0 & \delta + \mu + d \end{pmatrix}$$

Selanjutnya, diperoleh Matriks *Next Generation* dengan rumus $\mathbf{G} = \mathbf{FV}^{-1}$, yaitu:

$$\mathbf{G} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{((\mu+(1-\tau)\xi)\beta\Pi)}{\mu(\xi+\mu)(\delta+\mu+d)} \\ 0 & \frac{\alpha}{(\alpha+\mu)} & 0 \end{pmatrix}$$

Dari matriks G diperoleh nilai eigen, menurut (Driessche & Watmough, 2005) diperoleh bilangan reproduksi dasar yaitu:

$$R_v = \frac{\alpha\beta\Pi(\mu+(1-\tau)\xi)}{\mu(\xi+\mu)(\alpha+\mu)(\delta+\mu+d)} \tag{11}$$

Lebih lanjut, jika $\xi = 0$ (tanpa vaksin) maka diperoleh bilangan reproduksi dasar tanpa vaksin $R_0 = \frac{\alpha\beta\Pi}{\mu(\alpha+\mu)(\delta+\mu+d)}$. Selanjutnya, dengan Definisi 1, diperoleh titik ekuilibrium endemik (\mathbf{P}^*), sebagai berikut:

$$S^* = \frac{\Pi}{\beta I^* + \xi + \mu}, V^* = \frac{\xi S^*}{(1-\tau)\beta I^* + \mu}, E^* = \frac{\mu + \delta + d}{\alpha} I^*, R^* = \frac{\delta I^*}{\mu}$$

dan I^* harus memenuhi persamaan kuadrat berikut

$$a_0 I^{*2} + a_1 I^* + a_2 = 0, \tag{12}$$

dengan $a_0 = \beta^2(1-\tau)$, $a_1 = \beta\mu \left[1 + \frac{(1-\tau)R_0}{R_v} \left(1 - R_v + \frac{(1-\tau)\xi}{\mu}\right)\right]$ dan $a_2 = \mu(\xi + \mu)(1 - R_v)$. Memperhatikan bahwa titik ekuilibrium endemik yang negatif tidak memiliki makna secara biologis, kondisi Persamaan (12) dapat terjadi berdasarkan kasus berikut.

Kasus 1: Jika $R_v > 1$ maka $a_2 < 0$ dan persamaan memotong sumbu y negatif. Persamaan (13) adalah parabola terbuka ke atas, maka persamaannya memiliki dua akar nyata dengan tanda yang berlawanan. Dengan demikian, model memiliki titik ekuilibrium positif ketika $R_v > 1$.

Kasus 2: Jika $R_v = 1$ maka $a_2 = 0$ dan Persamaan (12) menjadi $(\beta^2(1-\tau)I^* + \beta\mu \left[1 + \frac{(1-\tau)R_0}{R_v} \left(1 - R_v + \frac{(1-\tau)\xi}{\mu}\right)\right])I^* = 0$, dengan $I^* = 0$ (sama dengan titik ekuilibrium bebas penyakit) dan $I^* = -\frac{\beta\mu \left[1 + \frac{(1-\tau)R_0}{R_v} \left(1 - R_v + \frac{(1-\tau)\xi}{\mu}\right)\right]}{\beta^2(1-\tau)}$. Dengan demikian tidak ada titik ekuilibrium endemik positif untuk $R_v = 1$.

Kasus 3: Jika $R_v < 1$ maka $a_0, a_1, a_2 > 0$ dan tidak ada akar positif untuk $R_v < 1$. Jadi dari Kasus 1, 2 dan 3 terdapat satu titik ekuilibrium yang memenuhi Persamaan (12) jika $R_v > 1$.

Analisa Kestabilan Lokal pada Model Matematika SVEIR Covid-19

Kestabilan di titik ekuilibrium dapat ditentukan berdasarkan nilai eigen. Matriks Jacobian dari Persamaan (10) adalah

$$J = \begin{pmatrix} -(\beta I + \mu + \xi) & 0 & 0 & -\beta S \\ \xi & -(1-\tau)\beta I - \mu & 0 & -(1-\tau)\beta V \\ \beta I & (1-\tau)\beta I & -(\alpha + \mu) & \beta S + (1-\tau)\beta V \\ 0 & 0 & \alpha & -(\delta + \mu + d) \end{pmatrix} \quad (13)$$

Berdasarkan Persamaan (13), Matriks Jacobian di titik ekuilibrium bebas penyakit.

$$J_{P_0} = \begin{pmatrix} -(\mu + \xi) & 0 & 0 & -\frac{\beta\Pi}{\xi + \mu} \\ \xi & -\mu & 0 & -\frac{(1-\tau)\beta\xi\Pi}{\mu(\xi + \mu)} \\ 0 & 0 & -(\alpha + \mu) & \frac{\beta\Pi}{\xi + \mu} + \frac{(1-\tau)\beta\xi\Pi}{\mu(\xi + \mu)} \\ 0 & 0 & \alpha & -(\delta + \mu + d) \end{pmatrix} \quad (14)$$

dari Persamaan (14) diperoleh nilai eigen yaitu $\lambda_1 = -\mu$, $\lambda_2 = -(\mu + \xi)$, dan untuk λ_3 dan λ_4 ditentukan dengan persamaan $a_0\lambda^2 + a_1\lambda + a_2 = 0$, dengan $a_0 = 1$, $a_1 = (\alpha + \mu)(\delta + \mu + d)$ dan $a_2 = (\alpha + \mu)(\delta + \mu + d)(1 - R_v) > 0$, jika $R_v < 1$. Selanjutnya, menentukan bagian riil dari nilai eigen λ_3 dan λ_4 , dibuktikan bahwa $\Delta_1 = a_1 = (\alpha + \mu)(\delta + \mu + d) > 0$ dan $\Delta_2 = a_1a_2 = \Delta_1(\alpha + \mu)(\delta + \mu + d)(1 - R_v) > 0$, jika $R_v < 1$. Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz pada Definisi 4, bagian riil dari nilai eigen λ_3 dan λ_4 bernilai negatif. Jadi dengan menggunakan Teorema 5, titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik dengan syarat $R_v < 1$.

Kestabilan Lokal di Titik Ekuilibrium Endemik

Matriks Jacobian di titik ekuilibrium endemik, sebagai berikut:

$$J_{T^*} = \begin{pmatrix} -(\beta I + \mu + \xi) & 0 & 0 & -\beta S^* \\ \xi & -((1 - \tau)\beta I^* + \mu) & 0 & -(1 - \tau)\beta V^* \\ -\mu & -\mu & -(\alpha + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \alpha & -(\delta + \mu + d) \end{pmatrix} \quad (15)$$

Selanjutnya, dengan cara yang sama pada titik ekuilibrium bebas penyakit maka untuk titik ekuilibrium endemik, diperoleh kesimpulan bahwa titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik dengan syarat $R_v > 1$ dan $\mu > \beta$.

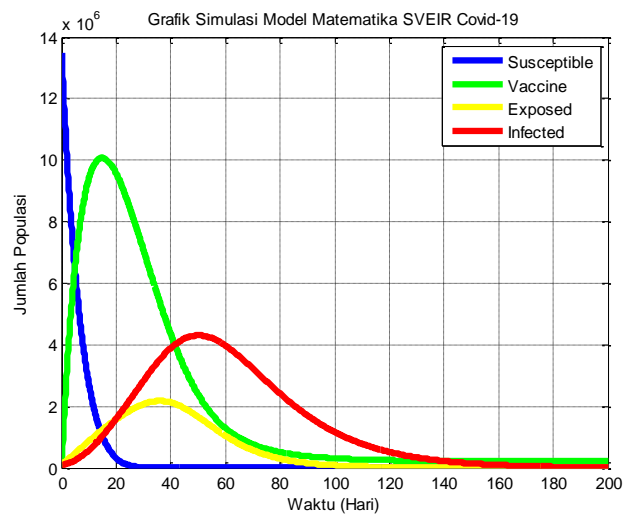
Simulasi Numerik Penggunaan Vaksin dalam Model Matematika SVEIR

Simulasi numerik dengan menggunakan metode Runge Kutta orde lima dengan nilai awal $S(0) = 13500000$, $V(0) = 1000$, $E(0) = 100000$, $I(0) = 100000$, serta parameter yang memenuhi syarat di titik ekuilibrium endemik yaitu $R_0 > 1$ dan $\mu > \beta$, sebagai berikut:

Tabel 1. Parameter-parameter untuk simulasi model

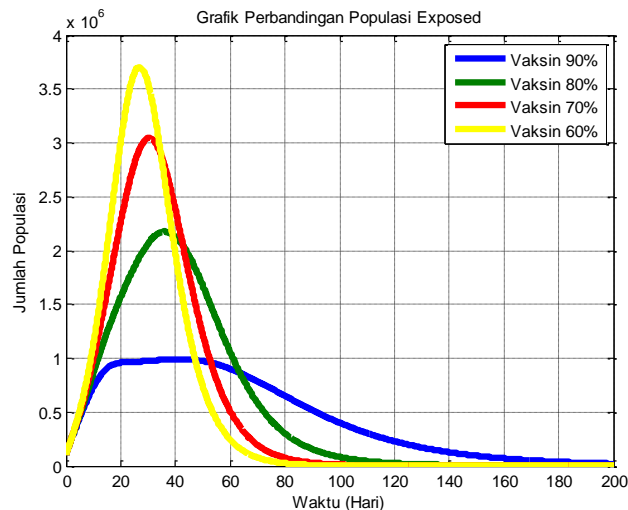
Parameter	Nilai
Π	146 per hari
μ	1/75 per tahun (3.65×10^{-5} per hari)
β	1.41×10^{-7} per hari
ξ	0.14 per hari
τ	80%
α	0.125 per hari
δ	0.04 per hari
d	0.008 per hari

Berdasarkan nilai awal dan parameter diperoleh grafik simulasi model berikut:

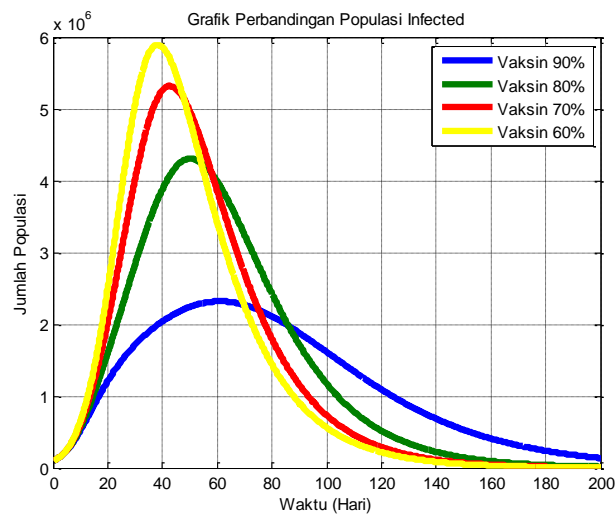


Gambar 3. Grafik Simulasi Model Matematika Covid-19 SVEIR

Dari Gambar 3 dapat dilihat bahwa populasi *Susceptible* mengalami penurunan menuju nol, populasi *Vaccine* meningkat dan mencapai sekitar 10 juta, lalu mengalami penurunan, sedangkan populasi *Exposed* mencapai puncak pada jumlah 2 juta lalu mengalami penurunan. Selanjutnya, populasi *Infected* mencapai puncak pada jumlah 4 juta dan seterusnya mengalami penurunan. Selanjutnya disajikan Gambar 4 & 5 berturut-turut merupakan grafik perbandingan populasi *Exposed* dan populasi *infected* dengan menggunakan efektivitas vaksin yang berbeda, sebagai berikut:



Gambar 4. Grafik Simulasi Perbandingan Populasi Exposed



Gambar 5. Grafik Simulasi Perbandingan Populasi Infected

Dari Gambar 4 dan 5, terlihat bahwa semakin tinggi efektivitas vaksin yang digunakan maka jumlah populasi terekspos ataupun terinfeksi semakin landai, tetapi dari segi waktu, puncak dari jumlah populasi terekspos ataupun terinfeksi semakin bergeser ke kanan (artinya memerlukan waktu yang lebih lama).

PENUTUP

Penyebaran Covid-19 dengan efektivitas vaksin yang berbeda, jumlah populasi terekspos dan populasi terinfeksi yang menggunakan vaksin dengan efektivitas rendah mengalami peningkatan jumlah populasi yang sangat tinggi dibandingkan vaksin dengan efektivitas yang lebih tinggi mengalami peningkatan jumlah populasi yang lebih rendah, dan penggunaan vaksin dengan efektivitas yang lebih tinggi dan tingginya jumlah orang yang divaksin dapat mengurangi peningkatan pada populasi *Exposed* dan populasi *Infected*.

REFERENSI

- Anderson, R. M., & May, R. M. C. (1992). *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford University Press.
- Anton, H., & Rorres, C. (2013). *Elementary Linear Algebra: Applications Version* (11th ed.). John Wiley & Sons Inc.
- Bellomo, N., & Preziosi, L. (1995). *Modelling Mathematical Methods and Scientific Computation*. CRC press.
- Biofarma. (2022). *Vaksin*. <https://www.biofarma.co.id/id/researcher/detail/vaksin>
- Cain, J. W., & Reynolds, A. M. (2010a). *Ordinary and Partial Differential Equations:*

An Introduction to Dynamical Systems. Virginia.

- Cain, J. W., & Reynolds, A. M. (2010b). *Ordinary and Partial Differential Equations*. NC-ND, Virginia.
- Connell, C., A.B, G., McCluskey, & Watmough, J. (2006). An SVEIR Model for Assessing Potential Impact of. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 3(3), 485–512.
- Driessche, P. Van Den, & Watmough, J. (2005). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180(1–2), 29–48. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6)
- Gantmacher, F. (2000). *The Theory Of Matrices*. Chelsea Publishing Company.
- Gao, D. peng, Huang, N. jing, Kang, S. M., & Zhang, C. (2018). Global stability analysis of an SVEIR epidemic model with general incidence rate. *Boundary Value Problems*, 2018(1). <https://doi.org/10.1186/s13661-018-0961-7>
- Jannah, M., Ahsar Karim, M., & Yulida, Y. (2021). Analisis Kestabilan Model Seir Untuk Penyebaran Covid-19 Dengan Parameter Vaksinasi. *BAREKENG: Jurnal Ilmu Matematika Dan Terapan*, 15(3), 535–542. <https://doi.org/10.30598/barekengvol15iss3pp535-542>
- Karim, M. A., & Yulida, Y. (2021). Analisis Kestabilan dan Sensitivitas pada Model Matematika SEIRD dari Penyebaran Covid-19: Studi Kasus di Kalimantan Selatan. *Media Bina Ilmiah*, 16(5), 7003–7012.
- Kemendes RI. (2020). *Pedoman Pencegahan Dan Pengendalian Coronavirus Disese (Covid-19)*. <https://covid19.kemkes.go.id/protokol-covid-19/kmk-no-hk-01-07-menkes-413-2020-ttg-pedoman-pencegahan-dan-pengendalian-covid-19#>
- Lynch, S. (2014). *Dynamical Systems with Applications using MATLAB®*. Birkhäuser Cham. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-3-319-06820-6>
- Ma, Z., & Li, J. (2009). *Dynamical Modeling and Analysis of Epidemics*. World Scientific Publishing.
- Nabti, A., & Ghanbari, B. (2021). Global stability analysis of a fractional SVEIR epidemic model. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*, 44(11), 8577–8597. <https://doi.org/10.1002/mma.7285>
- Putri, R. N. (2020). Indonesia dalam Menghadapi Pandemi Covid-19. *Jurnal Ilmiah Universitas Batanghari Jambi*, 20(2), 705. <https://doi.org/10.33087/jiubj.v20i2.1010>
- Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, 180(1–2), 29–48.
- Wang, L., & Xu, R. (2016). Global stability of an SEIR epidemic model with vaccination. *International Journal of Biomathematics*, 9(6), 1–23. <https://doi.org/10.1142/S1793524516500820>
- WHO. (2022). *Coronavirus disease (COVID-19): Vaccines*. <https://www.who.int/News-Room/Questions-and-Answers/Item/Coronavirus->

Epsilon: Jurnal Matematika Murni dan Terapan No.16 (2), Desember 2022

Gian Septiansyah, Muhammad Ahsar Karim, Yuni Yulida – Pemodelan Matematika
Penyebaran Covid-19 dengan Model SVEIR

Disease-(Covid-19)-Vaccines

- Yulida, Y., & Karim, M. A. (2020). Pemodelan Matematika Penyebaran COVID-19 di Provinsi Kalimantan Selatan. *Jurnal Binawakya*, 14(10), 3257–3264. <http://ejurnal.binawakya.or.id/index.php/MBI/article/view/572>
- Yulida, Y., & Karim, M. A. (2021). Model Matematika SEIRD (Susceptible, Exposed, Infected, Recovered, Dan Death) Untuk Penyebaran Penyakit ISPA. *Media Bina Ilmiah*, 15(7), 4815–4824.