

RESEARCH ARTICLE • OPEN ACCESS

Model Matematika SVEIAR Penularan Covid-19 di Indonesia dengan Intervensi Vaksinasi dan Tradisi Mudik

Darsih Idayani, Asmara Iriani Tarigan, Selly Anastassia Amellia Kharis, dan Heny Kurniawati



Volume 13, Issue 1, Pages 21–29, April 2025

Diterima 23 Januari 2025, Direvisi 1 April 2025, Disetujui 3 April 2025, Diterbitkan 5 April 2025

To Cite this Article : D. Idayani, A. I. Tarigan, S. A. A. Kharis, dan H. Kurniawati, "Model Matematika SVEIAR Penularan Covid-19 di Indonesia dengan Intervensi Vaksinasi dan Tradisi Mudik", *Euler J. Ilm. Mat. Sains dan Teknol.*, vol. 13, no. 1, pp. 21–29, 2025, <https://doi.org/10.37905/euler.v13i1.30231>

© 2025 by author(s)

JOURNAL INFO • EULER : JURNAL ILMIAH MATEMATIKA, SAINS DAN TEKNOLOGI

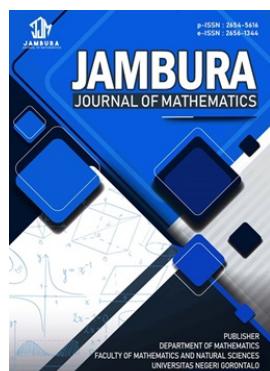


Homepage	: http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/euler/index
Journal Abbreviation	: Euler J. Ilm. Mat. Sains dan Teknol.
Frequency	: Three times a year
Publication Language	: English (preferable), Indonesia
DOI	: https://doi.org/10.37905/euler
Online ISSN	: 2776-3706
License	: Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License
Publisher	: Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo
Country	: Indonesia
OAI Address	: http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/euler/oai
Google Scholar ID	: QF_r_gAAAAJ
Email	: euler@ung.ac.id

JAMBURA JOURNAL • FIND OUR OTHER JOURNALS



Jambura Journal of Biomathematics



Jambura Journal of Mathematics



Jambura Journal of Mathematics Education



Jambura Journal of Probability and Statistics

Model Matematika *SVEIAR* Penularan Covid-19 di Indonesia dengan Intervensi Vaksinasi dan Tradisi Mudik

Darsih Idayani^{1,*}, Asmara Iriani Tarigan¹, Selly Anastassia Amellia Kharis¹, Heny Kurniawati²

¹Program Studi Matematika, Universitas Terbuka, Tangerang Selatan, Indonesia

²Program Studi Biologi, Universitas Terbuka, Tangerang Selatan, Indonesia

ARTICLE HISTORY

Diterima 23 Januari 2025

Direvisi 1 April 2025

Disetujui 3 April 2025

Diterbitkan 5 April 2025

KATA KUNCI

Model epidemik
Vaksinasi
Tradisi mudik
Covid-19

KEYWORDS

Epidemic model
Vaccination
Mudik tradition
Covid-19

ABSTRAK. Pada awal tahun 2020, wabah Covid-19 berawal di Cina dan menyebar ke seluruh dunia, termasuk Indonesia. Kondisi masyarakat Indonesia sangat beragam dan kompleks mengakibatkan kesulitan dalam memprediksi tren jumlah orang yang terinfeksi, meninggal, dan sembuh. Penelitian ini mengembangkan model *SVEIAR* penularan Covid-19 melalui intervensi vaksinasi dan tradisi mudik: model *SVEIAR*. Kompartemen susceptible (*S*) adalah subpopulasi individu rentan, vaccination (*V*) adalah subpopulasi individu yang telah divaksin dua kali, exposed (*E*) adalah subpopulasi individu laten yang terinfeksi tetapi masih dalam masa inkubasi dan tidak dapat menyebarluaskan virus, infection (*I*) adalah subpopulasi individu terinfeksi yang menunjukkan gejala atau simptomatis, asymptomatic (*A*) adalah subpopulasi individu terinfeksi tetapi tidak menunjukkan gejala, dan recover (*R*) adalah subpopulasi individu yang sudah sembuh. Analisis model dilakukan dengan mengidentifikasi bilangan reproduksi, mengestimasi titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik serta menganalisis kestabilan titik tersebut. Simulasi numerik dilakukan dengan menggunakan data penularan Covid-19 di Indonesia untuk memprediksi tren populasi yang terinfeksi simptomatis dan asimptomatis. Hasil penelitian menunjukkan bahwa karakteristik dinamik kasus Covid-19 bersifat semi-stabil pada kompartemen *S*, *E*, *I*, dan *A*. Artinya *S*, *E*, *I*, dan *A* akan meningkat pada waktu tertentu. Pada situasi bebas penyakit, populasi rentan *S* stabil pada nilai tertentu. Sebagai perbandingan, populasi lain stabil pada hampir 0 dan 0. Populasi rentan *S* pada situasi bebas penyakit lebih besar daripada pada saat epidemi. Sementara itu, yang lainnya dalam kondisi bebas penyakit jumlahnya lebih sedikit dibandingkan yang dalam kondisi epidemi. Selain itu, vaksinasi dapat meminimalisir penularan Covid-19, sementara dengan mengizinkan mudik dapat meningkatkannya.

ABSTRACT. In early 2020, the Covid-19 epidemic started in China, sweeping the entire world, including Indonesia. Indonesian society is diverse and complex. Predicting the trends of the infected, dead, and recovered is not straightforward. This study develops a Covid-19 transmission epidemic model *SVEIAR* by intervention of vaccination and mudik traditions (returning to hometowns during Eid): the *SVEIAR* model. The susceptible (*S*) compartment is a subpopulation of susceptible individuals, vaccinated (*V*) is a subpopulation of individuals who have been vaccinated twice, exposed (*E*) is a subpopulation of latent individuals who are infected but are still in the incubation period and cannot spread the virus, infection (*I*) is a subpopulation of infected individuals who show symptoms or are symptomatic, asymptomatic (*A*) is a subpopulation of infected individuals who do not show symptoms, and recover (*R*) is a subpopulation of individuals who have recovered. Model analysis is carried out by identifying the reproduction number, estimating the disease-free and endemic equilibrium points and analyzing their stabilities. Numerical simulations were conducted using the Covid-19 transmission data in Indonesia to predict the trend of the infected and asymptomatic populations. The results show that the dynamic characteristic of the Covid-19 cases is semi-stable in *S*, *E*, *I*, and *A* compartments. It means that *S*, *E*, *I*, and *A* will increase at a certain time. In the disease-free situation, the susceptible population *S* is stable at a particular value. In comparison, other populations are stable at nearly 0 and 0. The population of susceptible *S* in the disease-free situation is larger than in the epidemic. Meanwhile, others in the disease-free state are less than those in the epidemic state. In addition, vaccination can minimize the transmission of Covid-19, while allowing mudik can rise it.



This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-NonComercial 4.0 International License. **Editorial of EULER:** Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo, Jln. Prof. Dr. Ing. B. J. Habibie, Bone Bolango 96554, Indonesia.

1. Pendahuluan

Penyakit Corona 2019 (Covid-19) pertama kali menyebar ke banyak negara dari Provinsi Hubei, Cina pada bulan Januari

2020 [1, 2]. Kasus Covid-19 yang pertama di Indonesia muncul pada awal Maret 2020 [3, 4]. Pemerintah telah mengerahkan se-gala upaya untuk mencegah penyebarannya. Namun, masyarakat Indonesia terdiri dari individu yang beragam, dan tidak semua orang mematuhi imbauan pemerintah, termasuk pembatas-

*Penulis Korespondensi.

an mudik. Mudik adalah tradisi kembali ke kampung halaman selama libur Idul Fitri [5]. Mempertahankan tradisi ini selama pandemi dapat memperburuk tingkat penularan karena orang-orang bergerak dan berkumpul di tempat umum dan fasilitas transportasi. Vaksinasi dapat meminimalkan penularan, tetapi mungkin tidak akan berhasil jika orang tidak menjaga atau mengabaikan protokol kesehatan.

Perubahan jumlah orang yang terinfeksi, meninggal, dan sembuh dari Covid-19 sulit untuk diprediksi. Pemerintah melarang kegiatan mudik pada tahun 2020 untuk menghindari lonjakan kasus. Namun, para ahli menilai pelarangan mudik pada tahun 2020 tidak praktis karena jumlah kasus positif tetap tinggi [6]. Meskipun demikian, Prasojo dkk. [7] menyarankan agar pemerintah terus melanjutkan upaya untuk meminimalkan penyebaran Covid-19 dengan pembatasan mobilitas masyarakat. Kesadaran masyarakat dan koordinasi antara pemerintah pusat dan daerah dapat mendukung keberhasilan penerapan regulasi.

Pemodelan matematika dapat menggambarkan masalah dunia nyata atau sistem fisik dalam pernyataan matematika untuk lebih memahami sebuah masalah seperti masalah penyebaran penyakit. Qi [8] mengatakan bahwa model matematika adalah struktur yang menyederhanakan tujuan atau objek tertentu dalam kehidupan nyata dengan hukum intrinsiknya dan menyelesaiannya menggunakan alat matematika yang tepat. Panovska-Griffiths [9] mengatakan bahwa model matematika dapat digunakan untuk memahami penularan Covid-19 dengan mengeksplorasi berbagai skenario. Namun, memahami penularan secara matematis saja tidak cukup untuk menyelesaikan masalah. Model matematika lain diperlukan untuk menjawab pertanyaan berikutnya, seperti bagaimana cara menghentikan penularan.

Beberapa penelitian sebelumnya terkait model matematika penyebaran Covid-19 telah dilakukan. Misalnya, sistem persamaan diferensial berdasarkan model kompartemen rentan-infeksi-sembuh (*SIR*) yang dimodifikasi oleh Khrapov dan Loginova [10]. Kompartemen rawat inap (*H*) ditambahkan ke model *SIR* untuk memeriksa pola penularan oleh Fauzia [11]. Untuk memahami sifat penyakit, estimasi parameter berdasarkan model epidemi *SIR* digunakan oleh Kadyrov dkk. [12]. Euegunjobi dan Makinde [13] menyajikan model epidemiologi dengan enam kompartemen untuk menentukan kemunculan dan penyebaran Covid-19 di komunitas dengan pemulihan dan karantina karena pengobatan. Sebagai tambahan, telah dibahas model matematika penyebaran Covid-19 di antara imigran yang terpapar [14]. Di Indonesia, Joyosemito dan Nasir menggunakan pemodelan dinamis untuk menganalisis penularan kasus Covid-19 [15]. Hasan et al. [16] membuat model matematika untuk mengevaluasi secara kuantitatif dampak Pembatasan Sosial Skala Besar (PSBB) dari pertengahan April hingga awal Juni 2020 di Jakarta. Sementara itu, masalah logistik dan logistik yang tertunda dibandingkan oleh Sunthornwat dan Sookkhee [17] untuk memperkirakan total kasus penularan di empat negara. Secara umum, penelitian sebelumnya terfokus pada penambahan kompartemen saja ber-gantung pada situasi atau kasus yang dibahas. Variabel yang dapat menghambat penularan seperti vaksinasi dan variabel yang mungkin berpengaruh terhadap penularan penyakit di tempat tertentu yang menjadi ciri khas tempat tersebut seperti tradisi mudik belum menjadi perhatian.

Model-model penularan Covid-19 yang telah dikembangkan-

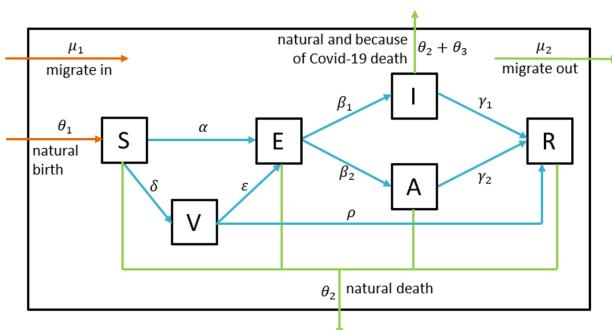
an belum sesuai dengan kondisi di Indonesia yang memiliki tradisi mudik saat Idul Fitri. Tradisi ini merupakan tradisi yang unik, tidak ada di negara lain. Oleh karena itu, untuk beradaptasi dengan situasi di Indonesia, penelitian ini bertujuan mengembangkan model *SEIAR* dalam [18] dengan menambahkan variabel vaksinasi dan tradisi mudik sehingga menjadi model *SVEIAR*. Vaksinasi dan tradisi mudik penting dipertimbangkan dalam model ini karena selama ini pemerintah mengklaim bahwa vaksinasi dan pelarangan mudik dapat mengurangi penyebaran Covid-19. Kemudian, dilakukan analisis berupa penentuan bilangan reproduksi dasar, titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik serta kestabilan titik tersebut. Terakhir, dilakukan simulasi numerik untuk membuktikan titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik serta menguji kestabilannya. Selain itu, simulasi numerik dilakukan untuk mengetahui pengaruh vaksinasi dan tradisi mudik terhadap penularan Covid-19.

2. Model

Model penyebaran penyakit *SEIAR* klasik yang dikembangkan dari model *SIR* [19] dimodifikasi dalam artikel ini. Selain itu, juga memodifikasi model *SEIAR* dengan faktor migrasi pada [18] dengan menambahkan variabel vaksinasi dan tradisi mudik ke dalam model untuk menganalisis intervensi kedua variabel tersebut terhadap tren penularan Covid-19. Model yang diusulkan ini disebut model penularan penyakit *SVEIAR*.

Terdapat beberapa asumsi dalam model tersebut. Asumsi pertama adalah dalam penularan Covid-19 semua individu bersifat homogen dan rentan. Setiap individu memiliki tingkat parparan yang sama. Asumsi kedua, virus dapat menginfeksi individu yang rentan karena kontak langsung atau tidak langsung dengan populasi yang terinfeksi dengan gejala atau tanpa bergejala. Asumsi ketiga, individu yang telah sembuh tidak akan menjadi laten kembali karena kekebalan tubuhnya yang kuat setelah sembuh dari penyakit.

Pada Gambar 1, populasi yang dinotasikan dengan N dibagi menjadi enam kompartemen berdasarkan karakteristik Covid-19. Kompartemen *susceptible* (*S*) adalah subpopulasi dari individu yang rentan. *Vaccination* (*V*) adalah subpopulasi yang telah divaksinasi dua kali. *Exposed* (*E*) adalah subpopulasi dari individu laten yang terinfeksi tetapi masih dalam masa inkubasi dan tidak dapat menyebarkan virus. *Infection* (*I*) adalah subpopulasi dari individu terinfeksi yang menunjukkan gejala atau simptomatis. Sedangkan *asymptomatic* (*A*) adalah subpopulasi dari individu terinfeksi tetapi tidak menunjukkan gejala atau asimptomatis. Yang terakhir, *recover* (*R*) adalah subpopulasi dari individu yang sudah sembuh.



Gambar 1. Diagram kompartemen model *SVEIAR*

Perubahan jumlah di setiap kompartemen bergantung pada jumlah kompartemen di sekitarnya. Perlu dicatat bahwa individu yang bergejala dapat meninggal karena infeksi Covid-19, tetapi yang tidak bergejala mungkin tidak akan meninggal. Beberapa parameter yang mempengaruhi perubahan jumlah di setiap subpopulasi adalah laju migrasi masuk (μ_1), laju migrasi keluar (μ_2), laju kelahiran alami (θ_1), dan laju kematian alami (θ_2). Selain itu, terkait dengan subpopulasi vaksinasi, terdapat laju vaksinasi (δ) dengan proporsi k . Individu yang rentan menjadi terpapar pada laju α saat kontak dengan individu terinfeksi dengan rasio $1 - k$. Sementara itu, kontak dengan individu terinfeksi memiliki laju $\frac{(I(t) + \omega A(t))}{N(t)}$ dengan laju perubahan ε . Sedangkan ω adalah rasio individu yang terinfeksi sebelum gejala dan dengan gejala dimana $0 < \omega < 1$. Individu yang divaksin menjadi individu sembuh pada laju ρ . Individu yang terpapar menjadi terinfeksi (bergejala) pada tingkat β_1 dengan proporsi l . Selain itu, individu yang terpapar menjadi asimtotik pada tingkat β_2 dan proporsi $1 - l$. Tingkat kematian individu terinfeksi (bergejala) yang meninggal karena infeksi dinotasikan dengan θ_3 . Individu terinfeksi (bergejala) menjadi sembuh pada tingkat γ_1 dan individu asimtotik menjadi sembuh pada tingkat γ_2 .

Sistem persamaan diferensial model SVEIAR adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= \theta_1 + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \delta k - \alpha(1 - k)(I(t) + \omega A(t)))S(t), \\ \frac{dV(t)}{dt} &= \delta k S(t) + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \varepsilon(I(t) + \omega A(t)) - \rho)V(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} &= (I(t) + \omega A(t))(\alpha(1 - k)S(t) + \varepsilon V(t)) \\ &\quad + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \beta_1 l - \beta_2(1 - l))E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta_1 l E(t) + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \theta_3 - \gamma_1)I(t), \\ \frac{dA(t)}{dt} &= \beta_2(1 - l)E(t) + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \gamma_2)A(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma_1 I(t) + \gamma_2 A(t) + \rho V(t) + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2)R(t). \end{aligned} \quad (1)$$

Perlu diperhatikan bahwa $R(t)$ tidak muncul pada persamaan lain di sistem persamaan diferensial (1). Ini berarti bahwa kompartemen $R(t)$ tidak memiliki pengaruh terhadap kompartemen lainnya. Jadi, persamaan diferensial $R(t)$ dapat diabaikan.

Sistem persamaan diferensial (1) mendefinisikan model penularan Covid-19 yang mencakup vaksinasi dan migrasi. Sama seperti mobilitas biasa, ada orang yang masuk dan keluar dari populasi. Dalam hal ini, migrasi masuk dan keluar merupakan kegiatan mudik pada saat Idul Fitri. Nilainya ditentukan berdasarkan data orang mudik pada saat itu. Migrasi masuk dapat sama, lebih kecil, atau lebih besar dari migrasi keluar.

3. Hasil dan Pembahasan

Dalam bagian ini, dianalisis titik kesetimbangan bebas penyakit, bilangan reproduksi dasar, titik kesetimbangan endemik serta analisis stabilitas. Selain itu, juga dibahas mengenai simulasi numerik. Pada pembahasan, dituliskan hasil-hasil apa saja yang diperoleh dalam penelitian. Dibahas dengan uraian yang komprehensif namun ringkas dan padu.

3.1. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Jika nilai E , I , dan A sama dengan 0, maka akan diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0). Artinya, semua individu berada pada posisi rentan, tervaksin, atau sembuh. Namun, subpopulasi R dapat diabaikan karena tidak berdampak pada orang lain. Pada kondisi ini, tidak ada individu yang menularkan penyakit, maka

$$E_0 = (S, V, E, I, A) = \left(\frac{-\theta_1}{p_1 - \delta k}, \frac{\delta k \theta_1}{(p_1 - \rho)(p_1 - \delta k)}, 0, 0, 0 \right) \quad (2)$$

dengan $p_1 = \mu_1 - \mu_2 - \theta_2$.

3.2. Bilangan Reproduksi Dasar

Metode Next Generation Matrix (NGM) digunakan untuk menentukan bilangan reproduksi dasar dari sistem persamaan diferensial (1) yang dinotasikan dengan R_0 [20]. Pada model ini, kompartemen infektifnya adalah E , I , dan A . Subsistem persamaan diferensial berikut digunakan untuk mencari bilangan reproduksi dasar.

$$\begin{aligned} \frac{dE(t)}{dt} &= (I(t) + \omega A(t))(\alpha(1 - k)S(t) + \varepsilon V(t)) \\ &\quad + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \beta_1 l - \beta_2(1 - l))E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta_1 l E(t) + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \gamma_1)I(t), \\ \frac{dA(t)}{dt} &= \beta_2(1 - l)E(t) + (\mu_1 - \mu_2 - \theta_2 - \gamma_2)A(t). \end{aligned} \quad (3)$$

Dari sistem (3), diperoleh matriks Jacobi J :

$$J_{(e,i,a)} = \begin{bmatrix} p_1 - p_2 & p_3 & p_3 \omega \\ \beta_1 l & p_1 - \gamma_1 & 0 \\ \beta_2(1 - l) & 0 & p_1 - \gamma_2 \end{bmatrix} \quad (4)$$

dengan $p_2 = \beta_1 l + \beta_2(1 - l)$ dan $p_3 = \alpha(1 - k)S(t) + \varepsilon V(t)$.

Selanjutnya, matriks Jacobi (J) didekomposisi menjadi $J = F - V$ dimana F merupakan matriks transmisi dan V merupakan matriks transisi. Invers dari matriks V , yaitu V^{-1} dapat diperoleh dengan menggunakan transformasi baris elementer. Kemudian diperoleh NGM dengan rumus $G = FV^{-1}$ dan nilai eigen dari matriks G adalah

$$\lambda_1 = 0, \quad \lambda_2 = 0, \quad \lambda_3 = \frac{p_3 \beta_1 l (p_1 + \gamma_2)}{p_4 (p_1 - \gamma_1)} \quad (5)$$

Bilangan reproduksi dasar diperoleh dari radius spektral atau nilai eigen terbesar, sehingga diperoleh

$$R_0 = \frac{p_3 \beta_1 l (p_1 - \gamma_2)}{p_4 (p_1 - \gamma_1)} \quad (6)$$

dengan $p_4 = (p_1 - p_2)(p_1 - \gamma_2) - p_3 \omega (\beta_2(1 - l))$.

Bilangan reproduksi dasar dalam penularan penyakit menujar pada manusia (epidemiologi) adalah rata-rata jumlah individu yang terinfeksi. Bilangan reproduksi dasar menentukan langkah selanjutnya dalam pengendalian epidemi, yaitu penyakit menular yang menyebar dengan cepat di wilayah yang luas dan menginfeksi banyak orang.

Terdapat tiga kondisi berdasarkan besarnya bilangan reproduksi dasar. Pertama, jika $R_0 < 1$, maka penyakit akan menghilang secara perlahan. Kedua, jika $R_0 = 1$, maka penyakit akan menjadi endemik dan tetap berada di wilayah tertentu. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) [21] menggambarkan bahwa endemik sebagai wabah penyakit yang terjadi secara terus-menerus tetapi terbatas di wilayah tertentu. Hal ini membuat penyebaran dan laju penyakit dapat diprediksi. Sementara itu yang ketiga, jika $R_0 > 1$, maka penyakit menjadi pandemi, yang berarti kasus meningkat secara eksponensial (berkembang dengan cepat), tetapi tidak berlangsung lama karena kasusnya perlahan menurun. Sebagian orang mungkin meninggal karena Covid-19, sementara yang lain mungkin sembuh dan kekebalannya meningkat. Sementara itu, pandemi adalah epidemi yang menyebar ke wilayah yang lebih luas, sering kali di seluruh dunia, dan biasanya disebabkan oleh virus baru. Dimana masyarakat memiliki sedikit kekebalan terhadap virus tersebut [22]. Dengan kata lain, R_0 merupakan indikator bahwa suatu penyakit bersifat endemik pada suatu populasi.

3.3. Titik Kesetimbangan Endemik

Titik kesetimbangan endemik E_1 diperoleh jika $I, A > 0$ dimana kompartemen yang terinfeksi (simptomatis atau asimptomatis) lebih besar dari 0. Dengan demikian, kondisi penyakit yang menyebabkan epidemi pada suatu populasi terpenuhi. Mirip dengan titik kesetimbangan bebas penyakit, titik kesetimbangan endemik dapat dicapai dari $\frac{dS}{dt} = 0$, $\frac{dV}{dt} = 0$, $\frac{dE}{dt} = 0$, $\frac{dI}{dt} = 0$, dan $\frac{dA}{dt} = 0$. Dengan demikian, $S(t)$, $V(t)$, $E(t)$, $I(t)$, dan $A(t)$ diperoleh sebagai berikut:

$$S(t) = \frac{-\theta_1}{p_1 - \delta k - \alpha(1-k)(I(t) + \omega A(t))}, \quad (7)$$

$$V(t) = \frac{-\delta k S(t)}{p_1 - \varepsilon(I(t) + \omega A(t)) - \rho}, \quad (8)$$

$$(I(t) + \omega A(t))(\alpha(1-k)S(t) + \varepsilon V(t)) + (p_1 - p_2)E(t) = 0, \quad (9)$$

$$I(t) = \frac{-\beta_1 l E(t)}{p_1 - \gamma_1}, \quad (10)$$

$$A(t) = \frac{-\beta_2(1-l)E(t)}{p_1 - \gamma_2}. \quad (11)$$

Kemudian pers. (7), pers. (8), pers. (10), dan pers. (11) disubstitusikan ke pers. (9), sehingga diperoleh polinomial

$$[aE^2(t) + bE(t) + c]E(t) = 0,$$

dengan akar-akar penyelesaian $E_1(t) = 0$ dan $E_{2,3}(t) = \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$. Pers. (10) dan pers. (11) disubstitusikan ke pers. (7) dan pers. (8) sehingga diperoleh titik kesetimbangan endemik sebagai berikut:

$$E_1 = \left(\frac{-\theta_1}{p_5}, \frac{-\delta k S(t)}{p_1 - \rho - \varepsilon b_1 E(t)}, \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}, \frac{-\beta_1 l E(t)}{p_1 - \gamma_1}, \frac{-\beta_2(1-l)E(t)}{p_1 - \gamma_2} \right) \quad (12)$$

dengan

$$a = \varepsilon b_1 b_3,$$

$$\begin{aligned} b &= \alpha \varepsilon b_1^2 (1 - k) - \varepsilon b_1 b_2 - (p_1 - \rho) b_3, \\ c &= [b_1 \varepsilon \delta k - \alpha b_1 (1 - k) + b_2] (p_1 - \rho), \\ p_5 &= p_1 - \delta k - \alpha (1 - k) b_1 E(t), \\ b_1 &= \frac{-\beta_1 l}{p_1 - \gamma_1} - \frac{\omega \beta_2 (1 - l)}{p_1 - \gamma_2}, \\ b_2 &= (p_1 - p_2)(p_1 - \delta k), \\ b_3 &= \alpha b_1 (p_1 - p_2)(1 - k). \end{aligned}$$

3.4. Analisis Stabilitas

Sistem (1) adalah sistem persamaan diferensial nonlinier. Analisis stabilitas ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks Jacobian. Dengan melinearisasi sistem (1), diperoleh matriks Jacobian (13):

$$J_{(E)} = \begin{bmatrix} p_1 - p_5 & 0 & 0 & j_{14} & j_{15} \\ \delta k & p_1 - p_6 & 0 & p_1 - \varepsilon & p_1 - \varepsilon \omega \\ p_5 - \delta k & j_{32} & p_1 - p_2 & p_3 & p_3 \omega \\ 0 & 0 & \beta_1 l & p_1 - \gamma_1 & 0 \\ 0 & 0 & \beta_2(1 - l) & 0 & p_1 - \gamma_2 \end{bmatrix} \quad (13)$$

dengan $j_{14} = p_1 - \delta k - \alpha(1-k)$, $j_{15} = p_1 - \delta k - \alpha(1-k)\omega$, $j_{32} = (I(t) + \omega A(t))\varepsilon$, $p_6 = \varepsilon(I(t) + \omega A(t)) + \rho$.

Teorema 1. Jika $R_0 < 1$, maka titik kesetimbangan bebas penyakit E_0 stabil asimtotik lokal.

Bukti. Pada titik kesetimbangan bebas penyakit, E_0 , matriks Jacobian (13) menjadi:

$$J_{(E_0)} = \begin{bmatrix} p_1 - \delta k & 0 & 0 & j_{14} & j_{15} \\ \delta k & p_1 - \rho & 0 & p_1 - \varepsilon & p_1 - \varepsilon \omega \\ 0 & 0 & p_1 - p_2 & p_3 & p_3 \omega \\ 0 & 0 & \beta_1 l & p_1 - \gamma_1 & 0 \\ 0 & 0 & \beta_2(1 - l) & 0 & p_1 - \gamma_2 \end{bmatrix} \quad (14)$$

dengan $j_{14} = p_1 - \delta k - \alpha(1-k)$, $j_{15} = p_1 - \delta k - \alpha(1-k)\omega$.

Nilai eigen diperoleh dari matriks Jacobian pada pers. (14), yaitu nilai eigen $\lambda_1 = p_1 - \delta k$ dan nilai eigen $\lambda_2 = p_1 - \rho$. Kemudian, nilai eigen λ_3 , λ_4 , dan λ_5 diperoleh dari solusi pers. (15):

$$a\lambda^3 + b\lambda^2 + c\lambda + d = 0 \quad (15)$$

dengan

$$a = 1,$$

$$b = \gamma_1 + \gamma_2 - 3p_1 + p_2,$$

$$c = \gamma_1 \gamma_2 - 2\gamma_1 p_1 + \gamma_1 p_2 - 2\gamma_2 p_1 + \gamma_2 p_2 + 3p_1^2 - 2p_1 p_2 - p_3 \beta_1 l - p_3 \omega \beta_2 (1 - l),$$

$$\begin{aligned} d &= -\gamma_1 \gamma_2 p_1 + \gamma_1 \gamma_2 p_2 + \gamma_1 p_1^2 - \gamma_1 p_1 p_2 + \gamma_2 p_1^2 - \gamma_2 p_1 p_2 - p_1^3 + p_1^2 p_2 + p_1 p_3 \beta_1 l - p_3 \beta_1 l \gamma_2 + p_1 p_3 \omega \beta_2 (1 - l) \\ &\quad - p_3 \omega \gamma_1 \beta_2 (1 - l). \end{aligned}$$

Karena $p_1 = \mu_1 - \mu_2 - \theta_2 < 0$, maka $\lambda_1 < 0$ dan $\lambda_2 < 0$. Jika $R_0 < 1$, maka semua koefisien dan konstanta dalam pers. (15)

akan bernilai positif. Kondisi ini tidak menyebabkan perubahan tanda positif atau negatif dari satu suku ke suku selanjutnya. Dalam aturan Descartes, jika tidak ada perubahan tanda dalam persamaan polinomial, tidak akan ada solusi atau akar persamaan yang bernilai positif [23]. Ini berarti bahwa nilai eigen λ_3, λ_4 , dan λ_5 yang diperoleh dari pers. (15) tersebut akan bernilai negatif. Jadi, jika $R_0 < 1$, maka semua nilai eigen matriks Jacobian di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit akan negatif. Dalam kondisi ini, titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil secara asimtotik lokal. Sebaliknya, jika $R_0 > 1$, maka ada nilai eigen positif. Hal ini menyebabkan titik tersebut menjadi tidak stabil, dan titik ekuilibrium baru akan muncul. \square

Teorema 2. Titik kesetimbangan endemik E_1 stabil asimtotik lokal jika $R_0 > 1$.

Bukti. Pada titik kesetimbangan endemik, E_1 , matriks Jacobian (13) menjadi:

$$J_{(E_1)} = \begin{bmatrix} p_1 - p_5 & 0 & 0 & j_{14} & j_{15} \\ \delta k & j_{22} & 0 & p_1 - \varepsilon & p_1 - \varepsilon\omega \\ p_5 - \delta k & p_7 & p_1 - p_2 & p_3 & p_3\omega \\ 0 & 0 & \beta_1 l & p_1 - \gamma_1 & 0 \\ 0 & 0 & \beta_2(1-l) & 0 & p_1 - \gamma_2 \end{bmatrix} \quad (16)$$

dengan

$$\begin{aligned} j_{14} &= p_1 - \delta k - \alpha(1-k), \\ j_{15} &= p_1 - \delta k - \alpha(1-k)\omega, \\ j_{22} &= p_1 + p_7 + \rho, \\ p_7 &= \varepsilon E \left(\frac{\beta_1 l}{p_1 - \gamma_1} + \frac{\omega \beta_2(1-l)}{p_1 - \gamma_2} \right). \end{aligned}$$

Elemen-elemen matriks Jacobian pada pers. (16) dimisalkan dengan $a = p_1 - p_5$, $b = p_1 - \delta k - \alpha(1-k)$, $c = p_1 - \delta k - \alpha(1-k)\omega$, $d = \delta k$, $e = p_1 + p_7 + \rho$, $f = p_1 - \varepsilon$, $g = p_1 - \varepsilon\omega$, $h = p_5 - \delta k$, $i = p_7$, $j = p_1 - p_2$, $k = p_3$, $l = p_3\omega$, $m = \beta_1 l$, $n = p_1 - \gamma_1$, $p = \beta_2(1-l)$ dan $q = p_1 - \gamma_2$ sehingga menjadi

$$J_{(E_1)} = \begin{bmatrix} a & 0 & 0 & b & c \\ d & e & 0 & f & g \\ h & i & j & k & l \\ 0 & 0 & m & n & 0 \\ 0 & 0 & p & 0 & q \end{bmatrix} \quad (17)$$

Nilai eigen dari matriks Jacobian pada pers. (17) diperoleh dari solusi persamaan karakteristik (3.4):

$$t_1\lambda^5 + t_2\lambda^4 + t_3\lambda^3 + t_4\lambda^2 + t_5\lambda + t_6 = 0, \quad (18)$$

dengan

$$\begin{aligned} t_1 &= 1, \\ t_2 &= -a - e - j - n + q, \\ t_3 &= a(e + j + n - q) + q(e + j + n) + j(e + n) + en \\ &\quad - lp - mk, \\ t_4 &= a(lp - nq - jq - nj + mk - eq - en - ej) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} &+ e(lp - nq - jq - nj + mk) - i(mf - gp) \\ &+ q(mk - nj) + p(ln - ch) + bmh, \\ t_5 &= a(mkq - lnp - jnq) + ai(mf + gp) \\ &+ ae(nq - lp + jq + nj - mk) + i(mfq + gnp) \\ &+ e(njq - nlp - mdq) + bm(hq + eh - di) \\ &+ c(pdi - nhp - ehp), \\ t_6 &= a(elnp - mufq - nugp - enjq - emkq) \\ &+ bm(ehq + diq) + cnp(di - eh). \end{aligned}$$

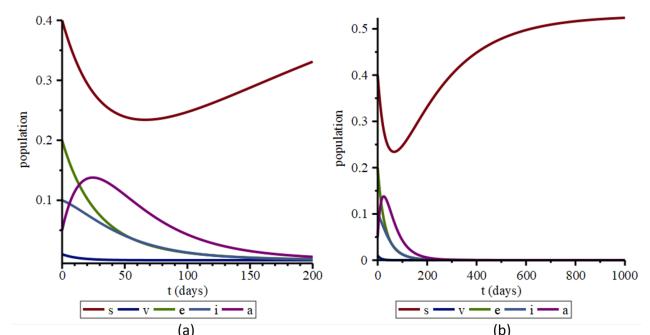
Jika $R_0 > 1$, maka konstanta dan koefisien akan bernilai negatif sehingga tandanya akan berubah dari suku kedua atau t_2 yang bernilai positif menjadi suku ketiga atau t_3 yang bernilai negatif. Dalam aturan Descartes, jika ada satu perubahan pada persamaan polinomial, maka akan diperoleh akar persamaan atau solusi yang bernilai positif [23]. Kondisi ini menunjukkan bahwa salah satu nilai eigen $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 akan bernilai positif. Dalam kondisi ini, titik kesetimbangan endemik akan stabil secara asimtotik lokal. \square

3.5. Simulasi Numerik

Simulasi numerik pada model penularan Covid-19 SVEIAR dilakukan untuk membuktikan titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik serta menguji kestabilannya. Simulasi dilakukan dengan menggunakan parameter-parameter yang diperoleh dari estimasi berdasarkan jumlah penduduk, kelahiran, kematian, migrasi, dan lain-lain, yang diperoleh dari data yang dikumpulkan dari berbagai sumber, termasuk penelitian sebelumnya (lihat Tabel 1).

3.5.1. Simulasi Numerik Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Simulasi numerik sistem (1) saat mendekati titik kesetimbangan bebas penyakit dilakukan berdasarkan nilai parameter-parameter pada Tabel 1. Dalam simulasi numerik, diperlukan nilai awal dari $S(t)$, $V(t)$, $E(t)$, $I(t)$, dan $A(t)$. Nilai awal tersebut adalah $S(0) = 0,5$; $V(0) = 0,01$; $E(0) = 0,2$; $I(0) = 0,01$; dan $A(0) = 0,05$.



Gambar 2. Simulasi sistem (1) terhadap titik ekuilibrium bebas penyakit: (a) 200 hari pertama, (b) 1000 hari pertama

Hasil simulasi menunjukkan bahwa $R_0 = 0,5543787206$, yang nilainya lebih kecil dari 1. Karena $R_0 < 1$, maka penyakit Covid-19 tidak akan menyebar atau akan perlahan menghilang. Dapat dikatakan bahwa populasi akan bebas penyakit dalam jangka waktu tertentu. Selain itu, titik ekuilibrium bebas penyakit E_0

Tabel 1. Nilai parameter model

Parameter	Definisi	Nilai	Sumber
N	Populasi	272.682.500	[23]
μ_1	Tingkat migrasi masuk	0,024	[24]
μ_2	Tingkat migrasi keluar	0,024	Diasumsikan sama dengan μ_1
θ_1	Tingkat kelahiran alami	0,0025	[24]
θ_2	Tingkat kematian alami	0,0047	[23]
k	Proporsi vaksinasi dari $S(t)$	0,0138 (Maret 2021)	https://kawalcovid19.id/
δ	Tingkat vaksinasi dari $S(t)$	0,0022	[25]
l	Proporsi yang terinfeksi dari $E(t)$	0,2	[26]
α	Tingkat yang terpapar dari $S(t)$	0,2	[27]
β_1	Tingkat yang terinfeksi dari $E(t)$	1/14	[21]
β_2	Tingkat yang terinfeksi asimtotik dari $E(t)$	1/14	Diasumsikan sama dengan β_1 [28]
ω	Faktor penularan dari asimtotik	0,022	[29]
ρ	Tingkat kesembuhan dari $V(t)$	1/14	[30]
ε	Tingkat yang laten/terpapar dari $V(t)$	1/180	[31]
θ_3	Tingkat kematian karena Covid-19	0,00112667	[23]
γ_1	Tingkat kesembuhan dari $I(t)$	0,03230667	[23]
γ_2	Tingkat kesembuhan dari $A(t)$	0,03230667	Diasumsikan sama dengan γ_1

(2) diperoleh $E_0 = (0, 5285010020; 0, 0002107657235; 0; 0; 0)$. Secara keseluruhan, populasi di setiap kompartemen berfluktuasi selama 1000 hari. Populasi rentan S turun pada titik awal dalam 50 hari pertama (lihat Gambar 2a), meningkat, dan akhirnya stabil pada titik 0,5285010020 (lihat Gambar 2b). Populasi yang divaksinasi V menurun dan kemudian stabil pada 0,0002107657235. Di kompartemen lain, jumlah individu laten E dan individu terinfeksi simptomatis I menurun hingga mendekati 0 dan stabil pada 0, dan muncul asimtotik A dalam 50 hari dan kemudian turun hingga mendekati 0 dan stabil pada 0 (lihat Gambar 2).

Jumlah populasi masing-masing kompartemen akan stabil pada titik ekuilibrium endemik setelah hari ke-1000. Jika jumlah populasi total adalah $N = 272.682.500$ (lihat Tabel 1), maka populasi yang rentan S dan yang divaksinasi V masing-masing adalah 144.112.975 dan 57.264. Sementara itu, proporsi populasi yang sembuh dapat dihitung dengan $R = 1 - (S + V + E + I + A)$, sehingga proporsi yang diperoleh adalah $R = 0,471289998$, dan populasi yang sembuh sebanyak 128.512.263 individu.

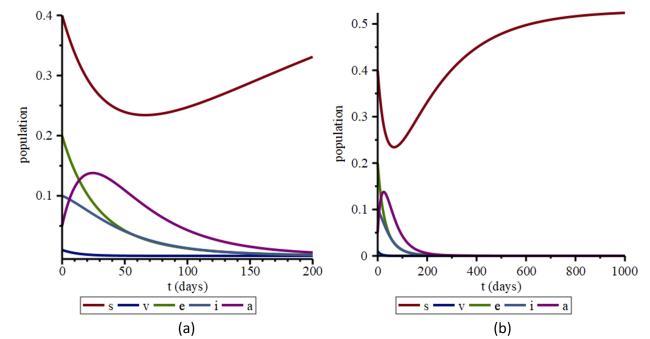
3.5.2. Simulasi Numerik Titik Kesetimbangan Endemik

Simulasi numerik dilakukan pada sistem (1) saat mendekati titik ekuilibrium endemik menggunakan nilai parameter pada Tabel 1. Nilai α , β_1 , dan β_2 diperbesar menjadi $\alpha = 0,8$, $\beta_1 = 0,4$, dan $\beta_2 = 0,4$ dengan nilai awal $S(0) = 0,5$; $V(0) = 0,0001$; $E(0) = 0,02$; $I(0) = 0,01$; dan $A(0) = 0,005$.

Hasil simulasi menunjukkan bahwa $R_0 = 2,770282509$. Karena $R_0 > 1$, penyakit Covid-19 akan menular dengan cepat, dan kemudian berubah menjadi pandemi. Titik ekuilibrium bebas penyakit diperoleh $E_1 = (0, 22303458; 0, 00008765; 0, 00385762; 0, 00563268; 0, 02643793)$.

Gambar 3 menunjukkan hasil simulasi numerik yang menggambarkan fluktuasi populasi di setiap kompartemen selama 1000 hari pertama. Populasi rentan S turun pada titik awal, kemudian naik dan stabil pada 0,22303458. Jika tidak, maka subpopulasi yang divaksinasi V , laten E , terinfeksi simptomatis S , dan yang asimtotik I berfluktuasi dan stabil di dekat 0.

Jumlah populasi setiap kompartemen akan stabil pada titik ekuilibrium endemik setelah hari ke-1000. Jika jumlah populasi



Gambar 3. Simulasi sistem (1) terhadap titik ekuilibrium bebas endemik: (a) 200 hari pertama, (b) 1000 hari pertama

total adalah $N = 272.682.500$ (lihat Tabel 1), maka populasi yang rentan sebanyak 60.817.627, populasi yang divaksinasi sebanyak 23.901, populasi yang terpapar sebanyak 1.051.906, populasi yang terinfeksi sebanyak 1.535.934, populasi yang tidak bergejala atau asimtotik sebanyak 7.209.161, dan populasi yang sembuh sebanyak 202.043.973 dengan proporsi $R = 0,74094954$.

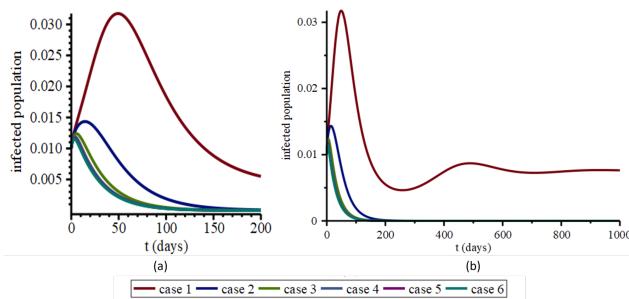
3.5.3. Pengaruh Vaksinasi

Simulasi numerik dilakukan untuk melihat bagaimana vaksinasi mempengaruhi penularan Covid-19. Populasi yang terinfeksi simptomatis (I), populasi yang tidak bergejala atau asimtotik (A), dan nilai R_0 akan berubah. Parameter yang mempengaruhi populasi yang divaksin (V) adalah tingkat vaksinasi pada orang yang rentan δ dan proporsi rentan yang divaksinasi k .

Tabel 2. Pengaruh vaksinasi

Kasus	δ dan k	R_0
1	0	2,841412748
2	0,2	0,195374061
3	0,4	0,040005367
4	0,6	0,012692566
5	0,8	0,004282277
6	1	0,000969087

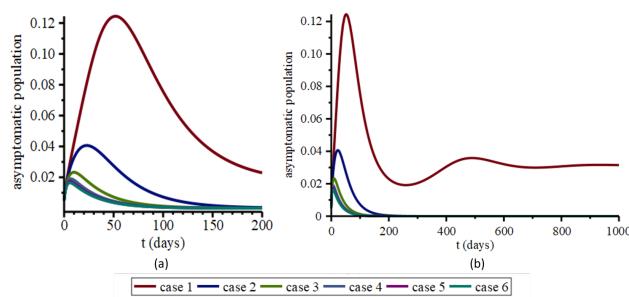
Terdapat enam kasus yang diuji dalam simulasi ini (lihat **Tabel 2**). Hasil menunjukkan bahwa semakin besar nilai δ dan k , semakin kecil nilai R_0 . Vaksinasi dapat dikendalikan sehingga nilai R_0 kurang dari 1. Situasi ini menunjukkan bahwa semakin banyak orang yang divaksinasi, Covid-19 tidak akan menyebar atau akan perlahan menghilang. Hal ini sesuai dengan grafik populasi bergejala (I) dan tidak bergejala (A) (lihat **Gambar 4** dan **Gambar 5**).



Gambar 4. Pengaruh vaksinasi pada subpopulasi terinfeksi (I): (a) 200 hari pertama, (b) 1000 hari kedua

Gambar 4 menunjukkan bahwa populasi yang terinfeksi (I) berubah drastis dari kondisi tanpa vaksinasi (δ dan k bernilai 0) menjadi divaksinasi lengkap (δ dan k bernilai 1). Dalam kondisi tanpa vaksinasi seperti pada kasus 1, populasi yang terinfeksi meningkat pada 100 hari pertama, kemudian menurun dan meningkat lagi menjelang hari ke-500 sebelum stabil pada angka 0,0056. Namun, setelah vaksinasi (kasus 2 sampai 6), populasi yang terinfeksi meningkat pada 50 hari pertama sebelum menurun hingga hampir mencapai 0 dan akhirnya stabil pada 0. Semakin tinggi tingkat vaksinasi, semakin cepat populasi yang terinfeksi mencapai 0.

Hasil simulasi pada kasus 2 menunjukkan bahwa jumlah individu yang divaksinasi sebanyak 10.907.300 dan jumlah individu yang terinfeksi sebanyak 136.341, dengan tingkat kesembuhan 95% pada hari ke-100. Perkiraan ini serupa dengan data dari <https://kawalcovid19.id/> di mana 10.002.901 orang telah divaksinasi, dan 111.137 orang terinfeksi dengan tingkat kesembuhan sebesar 90,17% pada tanggal 10 April 2021 (hari ke-100 sejak tanggal 1 Januari 2021).



Gambar 5. Pengaruh vaksinasi pada subpopulasi asimptomatis (A): (a) 200 hari pertama, (b) 1000 hari pertama

Gambar 5 menunjukkan bahwa subpopulasi asimptomatis (A) berubah drastis dari kondisi tanpa vaksinasi (δ dan k bernilai 0) menjadi divaksinasi lengkap (δ dan k bernilai 1). Trennya mirip dengan parameter populasi yang terinfeksi (I). Jika tidak

ada vaksinasi seperti pada kasus 1, populasi meningkat dalam 100 hari pertama, kemudian menurun dan meningkat lagi sekitar hari ke-500 sebelum stabil pada angka 0,026. Namun, setelah vaksinasi (kasus 2 sampai 6), populasi asimptomatis meningkat dalam 50 hari pertama, kemudian menurun hingga hampir 0 sebelum stabil pada angka 0.

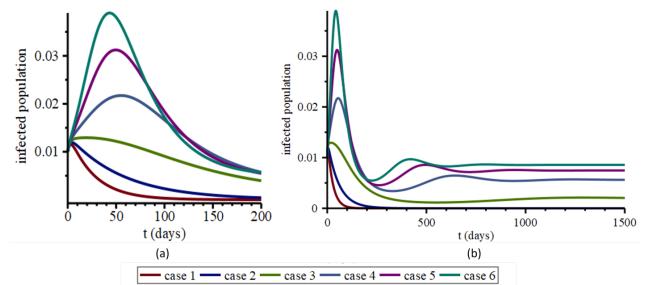
3.5.4. Pengaruh Tradisi Mudik

Simulasi numerik dilakukan untuk melihat bagaimana tradisi mudik memengaruhi penularan Covid-19. Parameter kompartemen terinfeksi simptomatif (I) dan asimptomatif (A), serta nilai angka reproduksi dasar (R_0) disimulasikan dengan mempertimbangkan mobilitas penduduk dalam tradisi mudik. Parameter yang terkait dengan tradisi mudik adalah laju migrasi masuk μ_1 , laju migrasi keluar μ_2 , dan tingkat populasi rentan yang terpapar Covid-19 α .

Tabel 3. Pengaruh tradisi mudik

Kasus	μ_1, μ_2 , dan α	R_0
1	0	0,000006248
2	0,2	0,585520906
3	0,4	1,234650958
4	0,6	1,958359556
5	0,8	2,770282509
6	1	3,687595558

Enam kasus diuji dalam simulasi ini (lihat **Tabel 3**). Hasil simulasi menunjukkan bahwa semakin besar nilai μ_1 , μ_2 , dan α , semakin besar nilai R_0 . Artinya, semakin banyak orang bepergian atau mudik selama libur lebaran, semakin banyak penularan Covid-19 yang terjadi dan semakin besar kemungkinan menjadi epidemi. Nilai R_0 tetap terkendali kurang dari 1 ketika orang tidak bepergian dan ketika mereka bepergian (kasus 1 dan 2). Dampak tradisi mudik terhadap populasi terinfeksi (I) dan populasi asimptomatis (A) dapat dilihat pada **Gambar 6** dan **Gambar 7**.

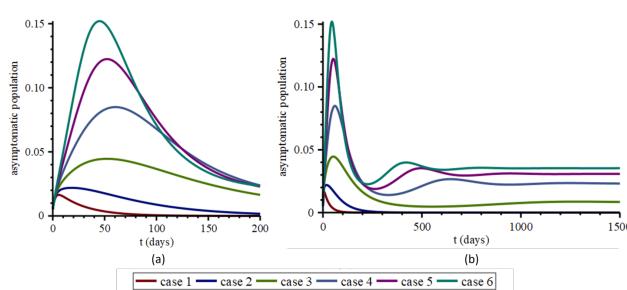


Gambar 6. Pengaruh mudik pada subpopulasi terinfeksi (I): (a) 200 hari pertama, (b) 1000 hari pertama

Gambar 6 menunjukkan bahwa jumlah penduduk yang terinfeksi (I) berubah drastis dari kondisi tidak ada kegiatan mudik (kasus 1) ke kondisi masyarakat yang melaksanakan mudik (kasus 6). Pada kasus 1, jumlah penduduk yang terinfeksi meningkat pada 30 hari pertama, menurun mendekati 0, dan akhirnya stabil pada angka 0. Kondisi ini juga terjadi pada saat mudik dengan angka migrasi masuk, migrasi keluar, dan penduduk rentan terpapar Covid-19 mencapai 0,2 (kasus 2). Setelah mudik dilakukan (kasus 3, 4, dan 5), jumlah penduduk yang terinfeksi (I) meningkat pada 50 hari pertama, menurun, dan berfluktuasi sebelum

akhirnya stabil. Namun, angkanya tidak mendekati 0. Semakin tinggi angka mudik, semakin banyak penduduk yang terinfeksi.

Pada tahun 2021, masyarakat melakukan mudik antara tanggal 8 sampai dengan 23 Mei 2021, seminggu sebelum dan setelah Hari Raya Idul Fitri 12-14 Mei 2021. Jumlah masyarakat yang melakukan mudik mencapai 1,5 juta. Sedangkan jumlah yang telah divaksinasi sebanyak 13.697.256 orang (per 13 Mei 2021). Peningkatan jumlah masyarakat yang terinfeksi mencapai puncaknya pada tanggal 15 Juli 2023, sekitar 63 hari setelah masyarakat melakukan mudik. Hal ini serupa dengan hasil simulasi pada kasus 4 yang menunjukkan adanya peningkatan jumlah masyarakat yang terinfeksi pada hari ke-60 setelah mudik (lihat Gambar 6).



Gambar 7. Pengaruh tradisi mudik pada subpopulasi asimptomatis (A): (a) 200 hari pertama, (b) 1000 hari pertama

Gambar 7 menunjukkan tren yang sama dengan populasi yang terinfeksi (I). Tradisi mudik berdampak signifikan pada populasi asimptomatis (A). Perubahannya sangat drastis dari saat tidak dilakukan mudik (kasus 1) hingga saat seluruh populasi melakukan mudik (kasus 6). Pada kondisi tanpa mudik (kasus 1), subpopulasi asimptomatis (A) meningkat pada 30 hari pertama, menurun hingga hampir 0, dan stabil pada angka 0. Hal itu juga terjadi pada kondisi dilakukannya mudik dengan rasio migrasi masuk, migrasi keluar, dan populasi rentan terpapar Covid-19 sebesar 0,2 (kasus 2). Namun, setelah mudik dilakukan (kasus 2 sampai 6), populasi asimptomatis (A) meningkat pada 50 hari pertama lalu menurun dan berfluktuasi hingga akhirnya stabil. Namun, tidak mendekati angka 0. Semakin tinggi rasio mudik, semakin banyak populasi asimptomatis (A).

4. Kesimpulan

Berdasarkan pembahasan sebelumnya, dapat disimpulkan bahwa penularan Covid-19 dapat dimodelkan menggunakan model matematika SVEIAR. Model SVEIAR memperhitungkan faktor vaksinasi dan tradisi mudik. Dari uji stabilitas, karakteristik dinamika kasus Covid-19 di S , E , I , dan A bersifat semi stabil, artinya akan bertambah pada waktu tertentu. Pada kondisi bebas penyakit, populasi rentan stabil pada nilai tertentu. Sementara itu, populasi lainnya stabil mendekati 0 dan pada 0. Populasi rentan pada kondisi bebas penyakit lebih besar dibandingkan pada kondisi epidemi. Sebaliknya, populasi lainnya pada kondisi bebas penyakit lebih sedikit dibandingkan pada kondisi epidemi. Vaksinasi dapat menekan penularan Covid-19, sedangkan tradisi mudik dapat meningkatkannya. Artinya, vaksinasi harus segera dilakukan untuk menekan penyebaran penyakit. Penularan juga dapat ditekan dengan mengendalikan pergerakan penduduk keluar masuk negara (migrasi) dan mobilitas penduduk, terutama

pada musim mudik. Beberapa variabel dapat ditambahkan untuk penelitian selanjutnya, seperti rawat inap, karantina mandiri, dan parameter terkait lainnya.

Kontribusi Penulis. **Darsih Idayani:** Konseptualisasi, metodologi, validasi, analisis formal, investigasi, visualisasi, administrasi proyek, penulisan — draf asli. **Asmara Iriani Tarigan:** sumber daya, administrasi proyek, penulisan — tinjauan, pengawasan. **Selly Anastassia Amellia Kharis:** Software, visualisasi, penulisan — draft asli. **Henry Kurniawati:** kurasi data, validasi, analisis formal, penulisan — tinjauan, penyuntingan. Semua penulis telah membaca dan menyetujui versi manuskrip yang diterbitkan.

Ucapan Terima Kasih. Para penulis mengucapkan terima kasih kepada LPPM Universitas Terbuka atas pendanaan penelitian yang diberikan serta kepada Prof. Dr.-Ing Suherman, S.T., M.T. dari Universitas Diponegoro atas masukan yang membangun dalam penyusunan artikel ini. Para penulis juga menyampaikan terima kasih kepada editor dan reviewer yang telah mendukung dalam memperbaiki naskah ini.

Pembiayaan. Penelitian ini mendapatkan dukungan pendanaan dari LP-PM Universitas Terbuka

Konflik Kepentingan. Para penulis menyatakan tidak ada konflik kepentingan yang terkait dengan artikel ini.

Ketersediaan Data. Penggunaan data dan sumber disebutkan dalam naskah

Referensi

- [1] D. Cucinotta and M. Vanelli, "WHO Declares COVID-19 A Pandemic," 2020, Mattioli 1885. doi: [10.23750/abm.v91i1.9397](https://doi.org/10.23750/abm.v91i1.9397).
- [2] Y.-C. Wu, C.-S. Chen, and Y.-J. Chan, "The Outbreak of COVID-19: An overview," *Journal of the Chinese Medical Association*, vol. 83, no. 3, pp. 217–220, Mar. 2020, doi: [10.1097/JCMA.0000000000000270](https://doi.org/10.1097/JCMA.0000000000000270).
- [3] D. N. Aisyah, C. A. Mayadewi, H. Diva, Z. Kozlakidis, Siswanto, and W. Adisasmito, "A Spatial-temporal Description of the SARS-CoV-2 Infections in Indonesia During the First Six Months of Outbreak," *PLoS One*, vol. 15, no. 12, pp. 1–14, Dec. 2020, doi: [10.1371/journal.pone.0243703](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243703).
- [4] R. Djalante et al., "Review and Analysis of Current Responses to COVID-19 in Indonesia: Period of January to March 2020," *Progress in Disaster Science*, vol. 6, pp. 1–9, Apr. 2020, doi: [10.1016/j.pdisas.2020.100091](https://doi.org/10.1016/j.pdisas.2020.100091).
- [5] I. S. Iriany, R. Pasciana, A. Ramdhani, and Mulyaningsih, "Eid Homecoming 'Mudik' Tradition as A Conventional Pattern in the Global Era," *Journal of Advanced Research in Social Sciences and Humanities*, vol. 4, no. 3, pp. 129–135, Jun. 2019, doi: [10.26500/JARSSH-04-2019-0306](https://doi.org/10.26500/JARSSH-04-2019-0306).
- [6] P. Utomo and Y. Zakky Umami, "Covid-19 Versus Mudik Telaah Tentang Efektivitas Kebijakan Pelarangan Mudik Lebaran pada Masa Pandemi Covid-19," *Jurnal Ilmu Hukum Qistie*, vol. 14, no. 1, pp. 111–125, May 2021, doi: [10.31942/jqi.v14i1.4496](https://doi.org/10.31942/jqi.v14i1.4496).
- [7] A. P. S. Prasojo, Y. N. Aini, and D. Kusumaningrum, "Potensi Pola Aliran Mudik pada Masa Pandemi Covid-19," *Jurnal Kependudukan Indonesia*, no. Edisi Khusus Demografi dan Covid-19, pp. 21–26, Jul. 2020, doi: [10.14203/jki.v0i0.579](https://doi.org/10.14203/jki.v0i0.579).
- [8] Y. Qi, "Mathematical Expression and Application of Marxism," *Applied Mathematics and Nonlinear Sciences*, vol. 6, no. 2, pp. 543–552, Jul. 2021, doi: [10.2478/amns.2021.2.00105](https://doi.org/10.2478/amns.2021.2.00105).
- [9] J. Panoska-Griffiths, "Can Mathematical Modelling Solve the Current Covid-19 Crisis?," *BMC Public Health*, vol. 20, no. 1, Apr. 2020, doi: [10.1186/s12889-020-08671-z](https://doi.org/10.1186/s12889-020-08671-z).
- [10] P. V. Khrapov and A. A. Loginova, "Mathematical Modelling of the Dynamics of the Coronavirus COVID-19 Epidemic Development in China," *International Journal of Open Information Technologies*, vol. 8, no. 4, pp. 13–16, 2020.
- [11] L. A. Fauzia, "Analisis Pemodelan Matematika Penularan Covid-19 dengan Tindakan Rawat Inap di Rumah Sakit," *MATHunesa: Jurnal Ilmiah Matematika*, vol. 9, no. 1, pp. 126–132, Jan. 2021, doi: [10.26740/mathunesa.v9n1.p126-132](https://doi.org/10.26740/mathunesa.v9n1.p126-132).

- [12] S. Kadyrov, A. Orynbassar, and H. B. Saydaliev, "Purely Data-driven Exploration of Covid-19 Pandemic After Three Months of the Outbreak," *Journal of Mathematical and Fundamental Sciences*, vol. 53, no. 3, pp. 358–368, Dec. 2021, doi: [10.5614/j.math.fund.sci.2021.53.3.2](https://doi.org/10.5614/j.math.fund.sci.2021.53.3.2).
- [13] A. S. Eegunjobi and O. D. Makinde, "Mathematical Analysis of Two Strains Covid-19 Disease Using SEIR Model," *Journal of Mathematical and Fundamental Sciences*, vol. 54, no. 2, pp. 211–232, Dec. 2022, doi: [10.5614/j.math.fund.sci.2022.54.2.1](https://doi.org/10.5614/j.math.fund.sci.2022.54.2.1).
- [14] R. I. Gweryina, C. E. Madubueze, and M. A. Nwaokolo, "Mathematical Modelling and Control of Covid-19 Transmission in the Presence of Exposed Immigrants," *Communication in Biomathematical Sciences*, vol. 4, no. 2, pp. 93–105, Dec. 2021, doi: [10.5614/cbms.2021.4.2.2](https://doi.org/10.5614/cbms.2021.4.2.2).
- [15] I. S. Joyosemito and N. M. Nasir, "Pendekatan Pemodelan Matematika Dinamis Dalam Analisis Prediksi COVID-19," *Jurnal Pengabdian kepada Masyarakat UBJ*, vol. 4, no. 1, pp. 1–16, Jan. 2021, doi: [10.31599/jabdimas.v4i1.455](https://doi.org/10.31599/jabdimas.v4i1.455).
- [16] A. Hasan et al., "Modeling COVID-19 Transmissions and Evaluation of Large Scale Social Restriction in Jakarta, Indonesia," *Communication in Biomathematical Sciences*, vol. 5, no. 1, pp. 90–100, Aug. 2022, doi: [10.5614/cbms.2022.5.1.6](https://doi.org/10.5614/cbms.2022.5.1.6).
- [17] R. Sunthornwat and S. Sookkhee, "Delay Time Parameter and Its Confidence Interval of Predictive Time Series of COVID-19 Outbreak Between the First and the Second Wave," *Journal of Mathematical and Fundamental Sciences*, vol. 53, no. 2, pp. 305–322, Oct. 2021, doi: [10.5614/j.math.fund.sci.2021.53.2.9](https://doi.org/10.5614/j.math.fund.sci.2021.53.2.9).
- [18] M. Chen, M. Li, Y. Hao, Z. Liu, L. Hu, and L. Wang, "The introduction of population migration to SEIAR for COVID-19 epidemic modeling with an efficient intervention strategy," *Information Fusion*, vol. 64, pp. 252–258, Dec. 2020, doi: [10.1016/j.inffus.2020.08.002](https://doi.org/10.1016/j.inffus.2020.08.002).
- [19] P. Shil, "Mathematical Modeling of Viral Epidemics: A Review," 2016. [Online]. Available: <http://www.brjnmims.org>.
- [20] G. O. Fosu, E. Akweittey, and A. Adu-Sackey, "Next-Generation Matrices and Basic Reproductive Numbers for All Phases of The Coronavirus Disease," *Open Journal of Mathematical Sciences*, vol. 4, no. 1, pp. 261–272, Dec. 2020, doi: [10.30538/oms2020.0117](https://doi.org/10.30538/oms2020.0117).
- [21] A. B. Gumel, E. A. Iboi, C. N. Ngonghala, and E. H. Elbasha, "A Primer on Using Mathematics to Understand COVID-19 Dynamics: Modeling, Analysis and Simulations," *Infect Dis Model*, vol. 6, pp. 148–168, 2021, doi: [10.1016/j.idm.2020.11.005](https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.11.005).
- [22] A. Chiu, "What Does Endemic Mean? Experts Answer Your Questions About The Future of Covid," The Washington Post. Accessed: Nov. 20, 2022. [Online]. Available: <https://www.washingtonpost.com/wellness/2022/01/20/what-does-endemic-mean/>.
- [23] W. Winardi et al., *Statistical Yearbook of Indonesia 2022*. Jakarta: BPS, 2022. [Online]. Available: <https://www.bps.go.id/publication/2022/02/25/0a2afea4fab72a5d052cb3>.
- [24] Sekretariat, "273 Juta Penduduk Indonesia Terupdate Versi Kemendagri (273 Million Indonesian Population Updated Version of Ministry of Home Affairs)," Kementerian Dalam Negeri Republik Indonesia. Accessed: Feb. 24, 2022. [Online]. Available: <https://dukcapil.kemendagri.go.id/phln/read/273-juta-penduduk-indonesia-terupdate-versi-kemendagri>.
- [25] Humas, "Menkes Sebut Vaksinasi Covid-19 Akan Dimulai Pekan Depan," Sekretariat Kabinet Republik Indonesia. Accessed: Jan. 08, 2023. [Online]. Available: <https://setkab.go.id/menkes-sebut-vaksinasi-covid-19-akan-dimulai-pekan-depan>.
- [26] Y. Wang et al., "Characterization of an Asymptomatic Cohort of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Infected Individuals Outside of Wuhan, China," *Clinical Infectious Diseases*, vol. 71, no. 16, pp. 2132–2138, Nov. 2020, doi: [10.1093/cid/ciaa629](https://doi.org/10.1093/cid/ciaa629).
- [27] R. T. Alqahtani, "Mathematical Model of SIR Epidemic System (COVID-19) with Fractional Derivative: Stability and Numerical Analysis," *Adv Differ Equ.*, no. 1, pp. 1–16, Dec. 2021, doi: [10.1186/s13662-020-03192-w](https://doi.org/10.1186/s13662-020-03192-w).
- [28] Z. Gao et al., "A Systematic Review of Asymptomatic Infections with Covid-19," *Journal of Microbiology, Immunology and Infection*, vol. 54, no. 1, pp. 12–16, Feb. 2021, doi: [10.1016/j.jmii.2020.05.001](https://doi.org/10.1016/j.jmii.2020.05.001).
- [29] WHO, "Transmission of SARS-CoV-2: Implications for Infection Prevention Precautions," WHO. Accessed: Aug. 08, 2022. [Online]. Available: <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/transmission-of-sars-cov-2-implications-for-infection-prevention-precautions>.
- [30] A. Septiani, "Tak Langsung Kebal, Butuh Waktu Bangun Antibodi Setelah Suntik Vaksin," Berita Detikhealth. Accessed: Jan. 08, 2022. [Online]. Available: <https://health.detik.com/berita-detikhealth/d-5328693/tak-langsung-kebal-butuh-waktu-bangun-antibodi-setelah-suntik-vaksin-covid-19>.
- [31] N. P. Bestari, "Berapa Lama Tubuh Kebal Corona Usai Disuntik Vaksin Covid," CNBC Indonesia. Accessed: Jan. 08, 2022. [Online]. Available: <https://www.cnbcindonesia.com/tech/20210520185357-37-247152/berapa-lama-tubuh-kebal-corona-usai-disuntik-vaksin-covid>.