

Dinamika dan Stabilitas Populasi pada Model Penyebaran COVID-19 dengan Vaksinasi dan Migrasi Penduduk

Resmawan^{1*}, Lailany Yahya¹, Agusyarif Rezka Nuha¹, Sri Meylanti S. Ali¹

¹Program Studi Matematika, Fakultas MIPA, Universitas Negeri Gorontalo, Bone Bolango 96554, Indonesia

*Corresponding author. Email: resmawan@ung.ac.id

ABSTRAK

Artikel ini membahas tentang model matematika penyebaran COVID-19 dengan mempertimbangkan adanya vaksinasi dan migrasi penduduk. Model yang terbentuk dianalisis dengan menentukan titik kesetimbangan, bilangan reproduksi dasar, menganalisis kestabilan titik kesetimbangan, analisis sensitivitas dan disertai dengan simulasi secara numerik. Analisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik menggunakan Kriteria Routh-Hurwitz dan Teorema Castillo-Chaves dan Song. Hasil analisis menunjukkan adanya dua titik kesetimbangan yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit (T_1) yang bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 < 1$ dan titik kesetimbangan endemik (T_2) yang bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 > 1$. Selanjutnya analisis sensitivitas menunjukkan bahwa parameter yang paling sensitif terhadap perubahan bilangan reproduksi dasar adalah parameter laju emigrasi (m_2) dan parameter peluang infeksi setelah kontak antara individu yang terinfeksi dan rentan tanpa vaksinasi (η). Selain itu, hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa nilai parameter sensitif yaitu $m_2, \eta, \zeta_{se}, \gamma$, dan ε berpengaruh signifikan terhadap angka bilangan reproduksi dasar. Dengan melakukan penekanan peluang infeksi pada individu rentan dan laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar, serta peningkatan jumlah individu yang melakukan emigrasi dan yang divaksinasi dapat menekan penularan COVID-19.

Kata Kunci:

Bilangan Reproduksi Dasar; COVID-19; Titik Kesetimbangan; Migrasi; Model Matematika; Vaksinasi

ABSTRACT

This article discusses the mathematical model of the spread of COVID-19 by considering vaccination and population migration. The formed model is analyzed by determining the equilibrium point, basic reproduction number, analyzing the stability of the equilibrium point, sensitivity analysis and accompanied by numerical simulation. Analysis of the stability of disease-free and endemic equilibrium points using the Routh-Hurwitz Criteria and the Castillo-Chaves and Song theorems. The results of the analysis show that there are two equilibrium points, namely a disease-free equilibrium point (T_1), which is locally asymptotically stable when $R_0 < 1$ and an endemic equilibrium point (T_2), which is locally asymptotically stable when $R_0 > 1$. Furthermore, the sensitivity analysis showed that the most sensitive parameters to changes in the basic reproduction number were the emigration rate parameter (m_2) and the infection probability parameter after contact between infected and susceptible individuals without vaccination (η). In addition, the numerical simulation results show that the sensitive

parameter values, namely $m_2, \eta, \zeta_{se}, \gamma$, and ε have a significant effect on the basic reproduction numbers. Suppressing the chance of infection in susceptible individuals and the rate of contact between susceptible and exposed individuals, as well as increasing the number of individuals who emigrate and who are vaccinated, can reduce the transmission of COVID-19.

Keywords:

Basic Reproduction Number; COVID-19; Equilibrium Point; Migration; Mathematical Model; Vaccination

Style Sitasi:

R. Resmawan, L. Yahya, A. R. Nuha, and S. M. S. Ali, "Dinamika dan Stabilitas Populasi pada Model Penyebaran COVID-19 dengan Vaksinasi dan Migrasi Penduduk", *Jambura J. Math.*, vol. 5, No. 2, pp. 305–326, 2023, doi: <https://doi.org/10.34312/jjom.v5i2.19992>

1. Pendahuluan

Coronavirus Disease ialah sebuah penyakit yang muncul di akhir tahun 2019 yang berawal dari kota Wuhan, Tiongkok dan dalam waktu singkat sudah mewabah ke seluruh penjuru dunia dan menelan banyak korban jiwa. Corona virus diketahui dapat menyerang jaringan pernapasan, sehingga pada awal penderita akan mengalami flu dan batuk, sesak nafas hingga lebih serius seperti *Middle East Respiratory Syndrome (MERS)* dan *Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS)*. Kini telah ditemukan jenis baru dari coronavirus yang dapat menyebabkan penyakit COVID-19 [1]. Penyebaran COVID-19 di Indonesia masih tergolong sangat tinggi, dilihat dari data penanganan COVID-19 di Indonesia yang terkonfirmasi pada tanggal 1 September 2021. Tercatat jumlah yang positif sebanyak 4.100.138 jiwa, yang sudah sembuh sebanyak 3.776.891 jiwa, dan yang meninggal akibat COVID-19 sebanyak 133.676 jiwa [2]. Berbagai upaya penanganan untuk menekan angka kasus COVID-19 pun terus dilakukan oleh berbagai pihak, termasuk upaya mencari solusi yang tepat melalui pendekatan pemodelan matematika.

Model matematika diperoleh melalui proses pendeskripsian suatu masalah dalam kehidupan sehari-hari ke dalam bentuk bahasa matematika yang disebut pemodelan matematika. Pemodelan matematika dapat membantu untuk memahami dan menentukan hubungan antara penyebaran COVID-19 dan parameter epidemiologi yang berbeda, mempertimbangkan langkah-langkah dalam perencanaan masa depan dan menemukan solusi terbaik dalam upaya penanganan pandemi [3]. Hal ini menyebabkan pemodelan matematika memiliki peran yang sangat penting dalam upaya menemukan solusi terbaik dalam penanganan pandemi COVID-19. Berbagai riset yang membahas penyebaran COVID-19 dalam perpektif pemodelan matematika pun telah dipublikasikan sejak awal pandemi hingga saat ini.

Penelitian yang membahas penyebaran COVID-19 menggunakan model matematika sejauh ini banyak dilakukan dalam berbagai sudut pandang, beberapa diantaranya mengkonstruksi model baru terkait dengan transmisi COVID-19 dalam populasi manusia dengan mempertimbangkan parameter epidemiologi yang mendekati kondisi yang sebenarnya. Resmawan & Yahya [3] melakukan analisis sensitifitas untuk melihat parameter yang signifikan terhadap penyebaran COVID-19. Sementara Bugalia, et al. [4] melakukan analisis model dinamika penularan COVID-19 dengan menyelidiki dampak strategi pengendalian seperti lockdown, karantina dan isolasi hingga mengendalikan pandemi COVID-19 secara global. Adapula Cakan [5] yang mempertimbangkan dampak kapasitas perawatan kesehatan yang telah diperiksa dan menganalisis

stabilitas lokal dan global dari model. Lebih lanjut Resmawan, *et al.* [6] mencoba mengembangkan model penularan COVID-19 dengan melibatkan intervensi karantina yang menunjukkan bahwa peningkatan intervensi karantina dapat membantu penundaan penyebaran COVID-19. Adapun Pramudito & Prawoto [7] mengembangkan model SEIR penyakit COVID-19 melalui migrasi dan vaksinasi yang menunjukkan bahwa migrasi hanya terjadi pada kelas terinfeksi dan semakin besar proporsi vaksin makadapat mengurangi jumlah individu terinfeksi COVID-19. Penelitian lain yang dilakukan oleh Fauzia [8] mempertimbangkan adanya tindakan rawat inap terhadap individu yang terpapar COVID-19 dan memperhitungkan individu terinfeksi tetapi tidak terdeteksi dengan mengkontruksi model secara matematis. Abdullah, *et al.* [9] juga melakukan kajian serupa dengan melakukan analisis kestabilan global dan lokal terhadap model dengan mempertimbangkan kelas resistensi (sehat) bersama dengan kelas karantina untuk transmisi penyakit COVID-19. Sementara itu, Mu'tamar, *et al.* [10] membahas model SIR dan pemberian vaksinasi dengan menggunakan kontrol optimum untuk menganalisis penyebaran COVID-19. Pola penyebaran COVID-19 dengan pendekatan model stokastik juga telah dilakukan dengan mempertimbangkan intervensi vaksinasi [11, 12].

Beberapa model lainnya dikembangkan oleh Javeed, *et al.* [13] yang mempertimbangkan jalur transmisi dengan menggunakan tingkat transmisi non konstan sehubungan dengan kondisi lingkungan dan epidemiologi. Sitinjak [14] menentukan angka bilangan reproduksi dasar pada model matematika COVID-19 yang dimodifikasi dengan berbagai pendekatan menggunakan parameter yang dekat dengan kehidupan sehari-hari. Selanjutnya, oleh Armandani [15] dilakukan rekonstruksi model SEQIR dan respon solusi lainnya dengan berdasarkan data penyebaran COVID-19 di New Delhi, India. Manaqib [16] melakukan kajian pada model SIR penyebaran COVID-19 dengan adanya penggunaan masker kesehatan dan karantina bagi individu terinfeksi. Nuha, *et al.* [17] juga menunjukkan melalui pemodelan matematika bahwa peningkatan laju vaksinasi dan laju efektivitas pengobatan masing-masing dapat menekan jumlah kasus infeksi COVID-19. Sementara itu, kajian yang dilakukan oleh Kucharski, *et al.* [18] membandingkan proyeksi kematian akibat COVID-19 dibawah empat strategi untuk prioritas pemberian vaksin COVID-19. Kajian lainnya yang dilakukan oleh Ramdhani [19] melibatkan adanya pengaruh pengobatan terhadap penyebaran COVID-19 pada model yang dibangun. Beberapa penelitian tersebut, secara garis besar membahas mengenai transmisi COVID-19 dalam suatu populasi yang mempertimbangkan pengaruh dari solusi yang dilakukan seperti adanya pengobatan, karantina dan rawat inap di rumah sakit untuk memperlambat penyebaran COVID-19.

Pada penelitian ini diperkenalkan model matematika penyebaran penyakit COVID-19 yang merujuk pada Resmawan, *et al.* [6] dengan melakukan memodifikasi model berupa penambahan variabel vaksin, dan parameter migrasi. Vaksin COVID-19 adalah bentuk pencegahan yang dapat meningkatkan kekebalan spesifik terhadap penyakit COVID-19 untuk mencegah infeksi atau penyakit serius. Model ini mengasumsikan individu yang telah melakukan vaksinasi kemungkinan masih dapat tertular COVID-19 jika berkontak langsung dengan individu yang terinfeksi COVID-19, namun gejala yang di alami tidak seberat individu yang tidak melakukan vaksinasi dan dapat meminimalisir risiko kematian. Individu yang telah melakukan vaksinasi diasumsikan kebal terhadap COVID-19 jika mematuhi protokol kesehatan dan menjaga kebersihan diri dan lingkungan. Adapun migrasi yang dipertimbangkan pada model adalah kegiatan berpindah tempat baik di dalam dan antar negara. Proses migrasi pada model

ini diasumsikan terjadi di dalam populasi, yaitu imigrasi terjadi pada kelas rentan (S), dimana imigran tersebut dipastikan tidak terinfeksi COVID-19 melalui hasil tes negatif baik *Rapid Test Antigen*, maupun *Test PCR* dan emigrasi terjadi di semua kelas populasi. Dari model ini, ditentukan titik kesetimbangan baik bebas penyakit maupun endemik dan bilangan reproduksi dasar untuk mengidentifikasi terjadinya endemik atau tidak. Selanjutnya dilakukan analisis kestabilan pada titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik serta analisis sensitifitas untuk melihat parameter-parameter model yang paling signifikan berpengaruh terhadap bilangan reproduksi dasar yang jadi tolak ukur penyebaran penyakit. Pada bagian akhir diberikan simulasi secara numerik untuk melihat dinamika populasi penyebaran COVID-19 yang terjadi dengan adanya vaksinasi dan migrasi serta memperhatikan parameter-parameter model yang memiliki pengaruh signifikan.

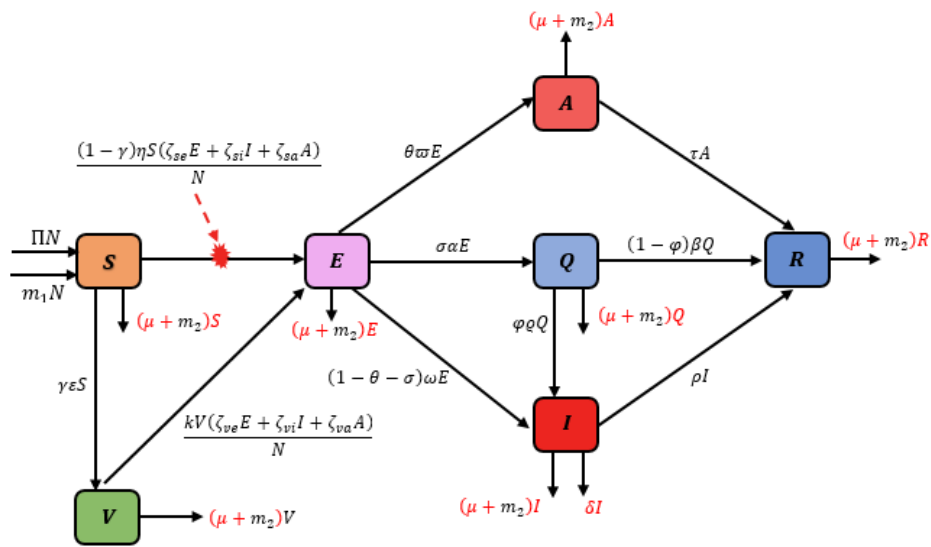
2. Metode

Pada bagian ini dilakukan konstruksi model matematika dengan mempertimbangkan beberapa asumsi secara biologis. Model dikonstruksi dengan melibatkan 7 variabel yang mewakili kelas populasi manusia yaitu individu rentan (S), individu yang melakukan vaksinasi (V), individu terpapar (E), individu terinfeksi tanpa gejala klinis (A), individu yang dikarantina (Q), individu terinfeksi dengan gejala klinis (I), dan individu yang sembuh/pulih (R). Banyaknya individu dari setiap kelas populasi dalam waktu t adalah $S(t), V(t), E(t), A(t), Q(t), I(t)$ dan $R(t)$. Adapun total individu pada populasi manusia dinotasikan dengan N dan memenuhi $S(t) + V(t) + E(t) + A(t) + Q(t) + I(t) + R(t) = N$.

Asumsi yang digunakan dalam model matematika ini adalah:

1. Laju rekrutmen kelahiran dan kematian diperhatikan. Individu yang lahir masuk Laju rekrutmen kelahiran dan kematian diperhatikan. Individu yang lahir dalam kelas rentan (S) dianggap sehat namun rentan terhadap COVID-19. Dan individu yang mengalami kematian terbagi atas dua yaitu kematian alami yang terjadi pada semua subpopulasi dan kematian akibat COVID-19 yang hanya terjadi pada kelas I .
2. Individu dalam kelas vaksin akan terpapar COVID-19 jika efektivitas dari vaksin menurun.
3. Kelompok individu yang divaksin merupakan individu yang telah melakukan 2 tahap vaksinasi dan memiliki daya tahan tubuh yang kuat atau aktif.
4. Penularan COVID-19 dapat terjadi jika individu yang rentan (S) berkontak langsung dengan individu yang terpapar (E), individu terinfeksi tanpa gejala klinis (A) dan individu yang terinfeksi dengan gejala klinis (I) masing-masing sebesar $\eta\zeta_{se}SE, \eta\zeta_{si}SI$, dan $\eta\zeta_{sa}SA$ dimana η adalah peluang infeksi saat terjadi kontak antar individu.
5. Penularan COVID-19 dapat terjadi jika individu yang telah divaksin (V) berkontak langsung dengan individu yang terpapar (E), individu terinfeksi tanpa gejala klinis (A) dan individu yang terinfeksi dengan gejala klinis (I) masing-masing sebesar $k\zeta_{ve}VE, k\zeta_{vi}VI$, dan $k\zeta_{va}VA$ dimana k adalah peluang infeksi saat terjadi kontak antar individu yang telah divaksin dengan individu terinfeksi.
6. Proses migrasi terjadi di dalam populasi. Dimana diasumsikan imigrasi terjadi pada kelas rentan (S) dan dipastikan imigran yang masuk ke dalam populasi tidak terpapar COVID-19 melalui hasil tes negatif baik *Rapid Test Antigen*, maupun

test PCR. Sedangkan emigrasi terjadi di semua kelas.



Gambar 1. Diagram kompartemen penyebaran COVID-19 dengan mempertimbangkan adanya vaksinasi dan migrasi penduduk

Berdasarkan diagram kompartemen pada Gambar 1, diperoleh model dalam sistem persamaan pada persamaan (1).

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= \Pi N + m_1 N - \frac{(1-\gamma)\eta S(\zeta_{se}E + \zeta_{si}I + \zeta_{sa}A)}{N} - (\mu + m_2 + \gamma\epsilon)S \\
 \frac{dV(t)}{dt} &= \gamma\epsilon S - \frac{kV(\zeta_{ve}E + \zeta_{vi}I + \zeta_{va}A)}{N} - (\mu + m_2)V \\
 \frac{dE(t)}{dt} &= \frac{(1-\gamma)\eta S(\zeta_{se}E + \zeta_{si}I + \zeta_{sa}A)}{N} + \frac{kV(\zeta_{ve}E + \zeta_{vi}I + \zeta_{va}A)}{N} - \\
 &\quad \theta\omega + \sigma\alpha + \mu + m_2 + \omega - \theta\omega - \sigma\omega)E \\
 \frac{dA(t)}{dt} &= \theta\omega E - (\tau + \mu + m_2)A \\
 \frac{dQ(t)}{dt} &= \sigma\alpha E - (\varphi\varrho + \beta - \beta\varphi + \mu + m_2)Q \\
 \frac{dI(t)}{dt} &= (1 - \theta - \sigma)\omega E + \varphi\varrho Q - (\rho + \mu + m_2 + \delta)I \\
 \frac{dR(t)}{dt} &= \tau A + (1 - \varphi)\beta Q + \rho I - (\mu + m_2)R
 \end{aligned} \tag{1}$$

Adapun parameter yang digunakan pada persamaan (1) disajikan pada Tabel 1.

3. Hasil dan Pembahasan

Untuk kebutuhan analisis, model pada persamaan (1) dilakukan penyederhanaan dengan,

$$s = \frac{S}{N}, v = \frac{V}{N}, e = \frac{E}{N}, a = \frac{A}{N}, q = \frac{Q}{N}, i = \frac{I}{N}, r = \frac{R}{N},$$

Tabel 1. Parameter Model

Parameter	Keterangan
Π	Laju kelahiran
μ	Laju Kematian alami manusia
η	Peluang infeksi setelah kontak individu terinfeksi dengan individu rentan tanpa vaksinasi
ζ_{se}	Laju kontak antara individu rentan (S) dan individu terpapar (E)
ζ_{si}	Laju kontak antara individu rentan (S) dan individu terinfeksi dengan gejala klinis (I)
ζ_{sa}	Laju kontak antara individu yang rentan dan individu yang terinfeksi tanpa gejala
ζ_{ve}	Laju kontak antara individu yang telah divaksinasi (V) dan individu terpapar (E)
ζ_{vi}	Laju kontak antara individu yang telah divaksinasi (V) dan individu terinfeksi dengan gejala klinis (I)
ζ_{va}	Laju kontak antara individu yang telah di vaksin dan individu yang terinfeksi tanpa gejala
θ	Proporsi individu terinfeksi tanpa gejala
σ	Proporsi individu yang di karantina
α	Laju pergerakan individu yang terpapar ke individu yang di karantina
ω	Laju penularan setelah masa inkubasi dan dipindahkan ke kelas yang terinfeksi simptomatik
ω	Laju penularan setelah masa inkubasi dan dipindahkan ke kelas yang terinfeksi tanpa gejala
ϱ	Laju pergerakan individu yang dikarantina ke individu yang terinfeksi simptomatik
φ	Proporsi yang dikarantina individu terinfeksi bergejala
τ	Laju pemulihan individu terinfeksi tanpa gejala dan dipindahkan ke kelas R
β	Laju pemulihan individu yang dikarantina dan dipindahkan ke kelas R
ρ	Laju pemulihan individu yang terinfeksi simptomatik dan dipindahkan ke kelas R
δ	Angka kematian akibat COVID-19
γ	Proporsi individu rentan yang diberikan vaksin
ε	Laju vaksinasi
k	Peluang setelah kontak antara individu terinfeksi dengan individu yang telah divaksinasi
m_1	Laju imigrasi
m_2	Laju emigrasi

sehingga diperoleh model pada persamaan (2).

$$\begin{aligned}
 \frac{ds}{dt} &= \Pi + m_1 - (1 - \gamma)\eta s(\zeta_{se}e + \zeta_{si}i + \zeta_{sa}a) - (\mu + m_2 + \gamma\varepsilon)s \\
 \frac{dv}{dt} &= \gamma\varepsilon s - kv(\zeta_{ve}e + \zeta_{vi}i + \zeta_{va}a) - (\mu + m_2)v \\
 \frac{de}{dt} &= (1 - \gamma)\eta s(\zeta_{se}e + \zeta_{si}i + \zeta_{sa}a) + kv(\zeta_{ve}e + \zeta_{vi}i + \zeta_{va}a) - \\
 &\quad (\theta\omega + \sigma\alpha + \mu + m_2 + \omega - \theta\omega - \sigma\omega)e \\
 \frac{da}{dt} &= \theta\omega e - (\tau + \mu + m_2)a \\
 \frac{dq}{dt} &= \sigma\alpha e - (\varphi\varrho + \beta - \beta\varphi + \mu + m_2)q \\
 \frac{di}{dt} &= (1 - \theta - \sigma)\omega e + \varphi\varrho q - (\rho + \mu + m_2 + \delta)i \\
 \frac{dr}{dt} &= \tau a + (1 - \varphi)\beta q + \rho i - (\mu + m_2)r
 \end{aligned}
 \tag{2}$$

3.1. Titik Kesetimbangan

Titik kesetimbangan pada sistem persamaan (2) ditentukan dengan menetapkan persamaan-persamaan pada sistem menjadi konstan terhadap waktu atau $\frac{ds}{dt} = \frac{dv}{dt} = \frac{de}{dt} = \frac{da}{dt} = \frac{dq}{dt} = \frac{di}{dt} = \frac{dr}{dt} = 0$. Selanjutnya dari persamaan (2) diperoleh dua titik kesetimbangan sebagai berikut:

1. Titik kesetimbangan bebas penyakit (T_1)

$$T_1 = (s, v, e, a, q, i, r) = \left(\frac{\Pi + m_1}{(\mu + m_2 + \gamma\epsilon)}, \frac{\gamma\epsilon(\Pi + m_1)}{(\mu + m_2)(\mu + m_2 + \gamma\epsilon)}, 0, 0, 0, 0, 0 \right) \quad (3)$$

2. Titik kesetimbangan endemik (T_2)

$$T_2 = (s^*, v^*, e^*, a^*, q^*, i^*, r^*) \quad (4)$$

dengan

$$\begin{aligned} s^* &= \frac{\Pi + m_1}{m_2 + \gamma\epsilon + (1 - \gamma)\eta(\zeta_{se}e + \zeta_{si}i + \zeta_{sa}a) + \mu'} \\ v^* &= \frac{s^*\gamma\epsilon}{k(\zeta_{ve}e + \zeta_{vi}i + \zeta_{va}a) + \mu + m_2'} \\ e^* &= \frac{kv^*(\zeta_{vi}i + \zeta_{va}a) + s^*(1 - \gamma)\eta(\zeta_{si}i + \zeta_{sa}a)}{m_2 - kv^*\zeta_{ve} - s^*(1 - \gamma)\eta\zeta_{se} + \theta\omega - \theta\omega + \mu + \sigma\alpha - \sigma\omega + \omega'} \\ a^* &= \frac{e^*\theta\omega}{m_2 + \mu + \tau'}, \quad q^* = \frac{e^*\sigma\alpha}{m_2 + \beta - \beta\varphi + \mu + \varphi\varrho} \\ i^* &= \frac{q^*\varphi\varrho + e^*(1 - \theta - \sigma)\omega}{m_2 + \delta + \mu + \rho} \\ r^* &= \frac{q^*\beta + \rho i^* + \tau a^* - \beta\varphi q^*}{m_2 + \mu} \end{aligned}$$

3.2. Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) merupakan nilai harapan banyaknya infeksi yang terjadi pada tiap satuan waktu. Bilangan reproduksi dasar (R_0) diperoleh dengan menggunakan pendekatan *Next Generation Matrix* [20]. *Next Generation Matrix* dari model pada Persamaan (2) didefinisikan sebagai K ,

$$K = FV^{-1}$$

dengan

$$F = \begin{pmatrix} (1 - \gamma)\eta\zeta_{se}x + \zeta_{ve}xy & (1 - \gamma)\eta\zeta_{sa}x + \zeta_{vax}y & 0 & (1 - \gamma)\eta\zeta_{si}x + \zeta_{vix}y \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix},$$

$$V = \begin{pmatrix} b + u + z & 0 & 0 & 0 \\ -\theta\omega & \tau + u & 0 & 0 \\ -\sigma\alpha & 0 & c + u & 0 \\ -z & 0 & -\varphi\varrho & d + u \end{pmatrix}$$

dan

$$\begin{aligned} b &= \theta\omega + \sigma\alpha & d &= \delta + \rho & x &= \frac{\Pi+m_1}{m_2+\gamma\epsilon+\mu} & z &= (1-\theta-\sigma)\omega. \\ c &= \beta - \beta\varphi + \varphi\varrho & u &= m_2 + \mu & y &= \frac{k\gamma\epsilon}{m_2+\mu} \end{aligned}$$

Dengan demikian, diperoleh matriks K ,

$$K = \begin{pmatrix} k_1 & k_2 & k_3 & k_4 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned} k_1 &= \frac{xy\zeta_{ve} + x(1-\gamma)\zeta_{se}\eta}{b+u+z} + \frac{(xy\zeta_{va} + x(1-\gamma)\zeta_{sa}\eta)(\theta\omega)}{(b+u+z)(u+\tau)} + \\ &\quad \frac{(xy\zeta_{vi} + x(1-\gamma)\zeta_{si}\eta)(cz+uz+\sigma\alpha\varphi\varrho)}{(c+u)(b+u+z)(d+u)} \\ k_2 &= \frac{xy\zeta_{va} + x(1-\gamma)\zeta_{sa}\eta}{u+\tau} \\ k_3 &= \frac{(xy\zeta_{vi} + x(1-\gamma)\zeta_{si}\eta)\varphi\varrho}{(c+u)(d+u)} \\ k_4 &= \frac{xy\zeta_{vi} + x(1-\gamma)\zeta_{si}\eta}{d+u}. \end{aligned}$$

Selanjutnya bilangan reproduksi dasar R_0 diperoleh dari nilai eigen positif terbesar dari matriks K , $R_0 = \rho(FV^{-1})$, yaitu

$$R_0 = R_1 + R_2 + R_3 \tag{5}$$

dengan

$$R_1 = \frac{xy\zeta_{ve} + x(1-\gamma)\zeta_{se}\eta}{b+u+z}, \quad R_2 = \frac{(xy\zeta_{va} + x(1-\gamma)\zeta_{sa}\eta)(\theta\omega)}{(b+u+z)(u+\tau)}, \quad R_3 = \frac{(xy\zeta_{vi} + x(1-\gamma)\zeta_{si}\eta)(cz+uz+\sigma\alpha\varphi\varrho)}{(c+u)(b+u+z)(d+u)}.$$

3.3. Kestabilan Titik Kesetimbangan

Analisis stabilitas titik kesetimbangan diawali dengan menentukan nilai eigen dari matriks jacobian dari Persamaan (2), yaitu matriks J yang didefinisikan pada persamaan (6),

$$J = \begin{pmatrix} J_{11} & 0 & J_{13} & J_{14} & 0 & J_{16} & 0 \\ J_{21} & J_{22} & J_{23} & J_{24} & 0 & J_{26} & 0 \\ J_{31} & J_{32} & J_{33} & J_{34} & 0 & J_{36} & 0 \\ 0 & 0 & J_{43} & J_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & J_{53} & 0 & J_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & J_{63} & 0 & J_{65} & J_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & J_{74} & J_{75} & J_{76} & J_{77} \end{pmatrix} \tag{6}$$

dengan

$$\begin{aligned}
 J_{11} &= -m_2 - \gamma\varepsilon - (1 - \gamma)(\zeta_{se}e + \zeta_{si}i + \zeta_{sa}a)\eta - \mu & J_{34} &= s(1 - \gamma)\zeta_{sa}\eta + kv\zeta_{va} \\
 J_{13} &= -s(1 - \gamma)\zeta_{se}\eta & J_{36} &= s(1 - \gamma)\zeta_{si}\eta + kv\zeta_{vi} \\
 J_{14} &= -s(1 - \gamma)\zeta_{sa}\eta & J_{43} &= \theta\omega \\
 J_{16} &= -s(1 - \gamma)\zeta_{si}\eta & J_{44} &= -m_2 - \mu - \tau \\
 J_{21} &= \gamma\varepsilon & J_{53} &= \sigma\alpha \\
 J_{22} &= -m_2 - (\zeta_{va}a + \zeta_{ve}e + \zeta_{vi}i)k - \mu & J_{55} &= -m_2 - \beta + \beta\varphi - \mu - \varphi\varrho \\
 J_{23} &= -kv\zeta_{ve} & J_{63} &= (1 - \theta - \sigma)\omega \\
 J_{24} &= -kv\zeta_{va} & J_{65} &= \varphi\varrho \\
 J_{26} &= -kv\zeta_{vi} & J_{66} &= -m_2 - \delta - \mu - \rho \\
 J_{31} &= (1 - \gamma)(\zeta_{sa}a + \zeta_{se}e + \zeta_{si}i)\eta & J_{74} &= \tau \\
 J_{32} &= (\zeta_{va}a + \zeta_{ve}e + \zeta_{vi}i)k & J_{75} &= \beta(1 - \varphi) \\
 J_{33} &= -m_2 + s(1 - \gamma)\zeta_{se}\eta - \theta\omega + \theta\omega + kv\zeta_{ve} & J_{76} &= \rho \\
 &= -\mu - \sigma\alpha + \sigma\omega - \omega & J_{77} &= -m_2 - \mu.
 \end{aligned}$$

Sifat dan kriteria Kestabilan titik kesetimbangan model, selanjutnya selanjutnya disajikan pada Teorema 1, Teorema 2, dan Teorema 3.

Teorema 1. Titik kesetimbangan bebas penyakit COVID-19 stabil asimtotik lokal jika $R_0 < 1$.

Bukti. Matriks jacobi dari evaluasi pada titik kesetimbangan T_1 didefinisikan sebagai berikut

$$J_{T_1} = \begin{pmatrix} J_{11} & 0 & J_{13} & J_{14} & 0 & J_{16} & 0 \\ J_{21} & J_{22} & J_{23} & J_{24} & 0 & J_{26} & 0 \\ 0 & 0 & J_{33} & J_{34} & 0 & J_{36} & 0 \\ 0 & 0 & J_{43} & J_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & J_{53} & 0 & J_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & J_{63} & 0 & J_{65} & J_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & J_{74} & J_{75} & J_{76} & J_{77} \end{pmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned}
 J_{11} &= -\gamma\varepsilon - u & J_{36} &= (1 - \gamma)\zeta_{si}\eta x + \zeta_{vi}xy \\
 J_{13} &= -(1 - \gamma)\zeta_{se}\eta x & J_{43} &= \theta\omega \\
 J_{14} &= -(1 - \gamma)\zeta_{sa}\eta x & J_{44} &= -u - \tau \\
 J_{16} &= -(1 - \gamma)\zeta_{si}\eta x & J_{53} &= \sigma\alpha \\
 J_{21} &= \gamma\varepsilon & J_{55} &= -u - c \\
 J_{22} &= -u & J_{63} &= z \\
 J_{23} &= -\zeta_{ve}xy & J_{65} &= -d - u \\
 J_{24} &= -\zeta_{va}xy & J_{74} &= \tau \\
 J_{26} &= -\zeta_{vi}xy & J_{75} &= \beta(1 - \varphi) \\
 J_{33} &= -u - z - b + (1 - \gamma)\zeta_{se}\eta x + \zeta_{ve}xy & J_{76} &= \rho \\
 J_{34} &= (1 - \gamma)\zeta_{sa}\eta x + \zeta_{va}xy & J_{77} &= -u
 \end{aligned}$$

dan

$$\begin{aligned}
 b &= \theta\omega + \sigma\alpha & d &= \delta + \rho & x &= \frac{\Pi + m_1}{m_2 + \gamma\varepsilon + \mu} & z &= (1 - \theta - \sigma)\omega. \\
 c &= \beta - \beta\varphi + \varphi\varrho & u &= m_2 + \mu & y &= \frac{k\gamma\varepsilon}{m_2 + \mu}
 \end{aligned}$$

Dari matriks jacobian J_{T_1} , diperoleh persamaan karakteristik,

$$\begin{aligned} & (J_{11} - \lambda)(J_{22} - \lambda)(J_{77} - \lambda)(\lambda^4 - J_{33}\lambda^3 - J_{44}\lambda^3 - J_{55}\lambda^3 - J_{66}\lambda^3 - \\ & J_{36}J_{63}\lambda^2 + J_{55}J_{66}\lambda^2 + J_{33}J_{55}\lambda^2 - J_{34}J_{43}\lambda^2 + J_{33}J_{44}\lambda^2 + J_{33}J_{66}\lambda^2 + \\ & J_{44}J_{55}\lambda^2 + J_{44}J_{66}\lambda^2 + J_{36}J_{44}J_{63}\lambda + J_{55}J_{63}J_{36}\lambda - J_{36}J_{53}J_{65}\lambda - J_{33}J_{55}J_{66}\lambda - \\ & J_{44}J_{55}J_{66}\lambda + J_{34}J_{43}J_{55}\lambda - J_{33}J_{44}J_{55}\lambda + J_{34}J_{43}J_{66}\lambda - J_{33}J_{44}J_{66}\lambda - \\ & J_{36}J_{44}J_{55}J_{63} + J_{36}J_{44}J_{53}J_{65} - J_{34}J_{43}J_{55}J_{66} + J_{33}J_{44}J_{55}J_{66}). \end{aligned} \quad (7)$$

Berdasarkan persamaan karakteristik (7), diperoleh 7 nilai eigen, 3 diantaranya dapat dipastikan negatif yakni

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= J_{11} = -(u + \gamma\varepsilon) = -(m_2 + \mu + \gamma\varepsilon) \\ \lambda_{2,3} &= J_{22} = J_{77} = -u = -(m_2 + \mu), \end{aligned}$$

sedangkan 4 nilai eigen yang lain diperoleh dari persamaan polinomial orde empat pada persamaan (8), yakni:

$$a_0\lambda^4 + a_1\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_3\lambda + a_4 = 0 \quad (8)$$

dengan

$$\begin{aligned} a_0 &= 1 \\ a_1 &= (1 - R_1)(b + u + z) + c + d + 3u + \tau \\ a_2 &= (1 - R_1)(b + u + z)(c + d + 2u) + (1 - (R_1 + R_2))(u + \tau)(b + u + z) + \\ & (1 - R_3 \frac{z(b + u + z)}{(uz + \alpha\rho\sigma\varphi + cz)})(c + u)(d + u) + (c + d + 2u)(u + \tau) \\ a_3 &= (1 - R_1 - R_2)(c + d + 2u)(u + \tau)(b + u + z) + (1 - R_1 - R_3 - R_3 \\ & \frac{z(u + \tau)}{(uz + \alpha\rho\sigma\varphi + cz)} + \frac{(u + \tau)}{(b + u + z)})(c + u)(d + u)(b + u + z) \\ a_4 &= (1 - R_0)(c + u)(d + u)(u + \tau)(b + u + z). \end{aligned}$$

Berdasarkan kriteria *Routh-Hurwitz*, koefisien persamaan karakteristik (8) pada titik kesetimbangan T_1 bernilai positif, jika memenuhi syarat-syarat kestabilan berikut:

$$a_1a_2 > a_3 \text{ dan } a_1a_2a_3a_4 > a_1^2a_4^2 + a_3^2a_4.$$

Dengan kondisi dimana $R_0 < 1$ maka $a_i > 0$, untuk $i = 1, 2, 3, 4$ dan jika diasumsikan nilai-nilai parameternya positif, maka dapat disimpulkan bahwa nilai a_1, a_2, a_3 dan a_4 bernilai positif. Karena nilai $\lambda < 0$ dan $R_0 < 1$ serta memenuhi kriteria *Routh-Hurwitz*, maka titik kesetimbangan bebas penyakit T_1 bersifat stabil asimtotik lokal. \square

Teorema 2. Titik kesetimbangan bebas penyakit T_1 akan selalu ada, serta titik kesetimbangan endemik T_2 bernilai positif jika $R_0 > 1$.

Bukti. Tinjau kembali bentuk titik kesetimbangan T_2 pada persamaan (4). Dengan melakukan substitusi nilai s^*, v^*, a^*, q^* , dan r^* ke dalam e^* , diperoleh

$$e(k_0e^2 + k_1e + k_2) = 0 \quad (9)$$

dengan

$$\begin{aligned}
 k_0 &= -k(1-\gamma)\eta(u+d)(m_2+\mu+\tau)(u+c)(u+b+z)(\alpha\zeta_{si}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+ \\
 &\quad \zeta_{sa}\theta\omega(u+d)(u+c)+\zeta_{se}(u+d)(u+\tau)(u+c)+ \\
 &\quad \zeta_{si}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega)(\alpha\zeta_{vi}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+ \\
 &\quad \zeta_{va}\theta\omega(u+d)(u+c)+\zeta_{ve}(u+d)(u+\tau)(u+c)+ \\
 &\quad \zeta_{vi}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega), \\
 k_1 &= (u+d)(u+\tau)(u+c)(k(1-\gamma)\eta(m_1+\Pi)(\alpha\zeta_{si}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+\zeta_{sa}\theta\omega(u+d)(u+c)+ \\
 &\quad \zeta_{se}(u+d)(u+\tau)(u+c)+\zeta_{si}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega)(\alpha\zeta_{vi}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+ \\
 &\quad \zeta_{va}\theta\omega(u+d)(u+c)+\zeta_{ve}(u+d)(u+\tau)(u+c)+\zeta_{vi}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega)- \\
 &\quad (u+d)(u+\tau)(u+c)(u+b+z)((1-\gamma)\eta(m_2+\mu)(\alpha\zeta_{si}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+ \\
 &\quad \zeta_{sa}\theta\omega(u+d)(u+c)+\zeta_{se}(u+d)(u+\tau)(u+c)+\zeta_{si}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega)+ \\
 &\quad k(m_2+\gamma\varepsilon+\mu)(\alpha\zeta_{vi}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+\zeta_{va}\theta\omega(u+d)(u+c)+\zeta_{ve}(u+d)(u+\tau)(u+c)+ \\
 &\quad \zeta_{vi}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega)), \\
 k_2 &= (u+d)^2(u+\tau)^2(u+c)^2((1-\gamma)\eta u(m_1+\Pi)(\alpha\zeta_{si}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+\zeta_{sa}\theta\omega(u+d) \\
 &\quad (u+c)\zeta_{se}(u+d)(u+\tau)(u+c)+\zeta_{si}(1-\theta-\sigma)(u+\tau)(u+c)\omega)+k\gamma\varepsilon(m_1+\Pi) \\
 &\quad (\alpha\zeta_{vi}\varrho\sigma(u+\tau)\varphi+\zeta_{va}\theta\omega(u+d)(u+c)+\zeta_{ve}(u+d)(u+\tau)(u+c)+\zeta_{vi}(1-\theta-\sigma) \\
 &\quad (u+\tau)(u+c)\omega)-u(u+\gamma\varepsilon)(u+d)(u+\tau)(u+c)(u+b+z)).
 \end{aligned}$$

Salah satu solusi dari persamaan (9) adalah $e = 0$. Dengan melakukan substitusi nilai $e = 0$ pada persamaan (4), diperoleh

$$s = \frac{\Pi + m_1}{(\mu + m_2 + \gamma\varepsilon)}, v = \frac{\gamma\varepsilon(\Pi + m_1)}{(\mu + m_2)(\mu + m_2 + \gamma\varepsilon)}, a = 0, q = 0, i = 0, \text{ dan } r = 0$$

yang merupakan titik kesimbangan bebas penyakit T_1 . Hal ini menunjukkan sifat titik kesetimbangan bebas penyakit T_1 akan selalu ada pada model. Adapun dua akar lainnya dari persamaan (9) yang merupakan titik kesetimbangan endemik T_2 diperoleh dengan melakukan analisis pada salah satu faktor persamaannya, yaitu:

$$k_0e^{*2} + k_1e^* + k_2 = 0 \tag{10}$$

Berdasarkan sifat akar persamaan kuadrat untuk persamaan (10) diperoleh:

$$e_1^* + e_2^* = -\frac{k_1}{k_0} \tag{11}$$

dan

$$e_1^*e_2^* = \frac{k_2}{k_0}. \tag{12}$$

Misalkan $R_0 < 1$, diperoleh $k_1 < 0$ dan $k_2 < 0$. Karena $k_0 < 0$, berdasarkan persamaan (11) dan (12) diperoleh $e_1^* + e_2^* < 0$ serta $e_1^*e_2^* > 0$. Kondisi ini ekuivalen dengan $e_1^* < 0$ dan $e_2^* < 0$ yang menunjukkan bahwa tidak ada titik tetap kesetimbangan T_2 yang

bernilai positif. Sebaliknya dengan mengandaikan $R_0 > 1$, maka berdasarkan persamaan (12) diperoleh $e_1^* e_2^* < 0$, yang menunjukkan bahwa salah satu nilai e^* pada persamaan (10) bernilai positif. Dengan melakukan substitusi nilai $e^* > 0$ pada persamaan (4), diperoleh $s^* > 0, v^* > 0, a^* > 0, q^* > 0, i^* > 0$, dan $r^* > 0$. \square

Selanjutnya, sifat Kestabilan titik kesetimbangan endemik T_2 disajikan pada Teorema 3.

Teorema 3. *Titik kesetimbangan endemik bersifat stabil asimtotik lokal jika $R_0 > 1$.*

Bukti. Misalkan $\phi = \zeta_{se}$ adalah parameter bifurkasi dan $x_1 = s, x_2 = v, x_3 = e, x_4 = a, x_5 = q, x_6 = i$ dan $x_7 = r$. Persamaan (2) menjadi $f(x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, x_6, x_7)$, yaitu

$$\begin{aligned}
 f_1 &= \Pi + m_1 - (1 - \gamma)\eta x_1 (\zeta_{se} x_3 + \zeta_{si} x_6 + \zeta_{sa} x_4) - (\mu + m_2 + \gamma\varepsilon)x_1 \\
 f_2 &= \gamma\varepsilon x_1 - kx_2 (\zeta_{ve} x_3 + \zeta_{vi} x_6 + \zeta_{va} x_4) - (\mu + m_2)x_2 \\
 f_3 &= (1 - \gamma)\eta x_1 (\zeta_{se} x_3 + \zeta_{si} x_6 + \zeta_{sa} x_4) + kx_2 (\zeta_{ve} x_3 + \zeta_{vi} x_6 + \zeta_{va} x_4) - \\
 &\quad (\theta\omega + \sigma\alpha + \mu + m_2 + \omega - \theta\omega - \sigma\omega)x_3 \\
 f_4 &= \theta\omega x_3 - (\tau + \mu + m_2)x_4 \\
 f_5 &= \sigma\alpha x_3 - (\varphi\rho + \beta - \beta\varphi + \mu + m_2)x_5 \\
 f_6 &= (1 - \theta - \sigma)\omega x_3 + \varphi\rho x_5 - (\rho + \mu + m_2 + \delta)x_6 \\
 f_7 &= \tau x_4 + (1 - \varphi)\beta x_5 + \rho x_6 - (\mu + m_2)x_7
 \end{aligned} \tag{13}$$

Selanjutnya, bentuk $R_0 = 1$ akan bersesuaian dengan

$$\begin{aligned}
 \phi = \phi^* &= \frac{(m_2 + \gamma\varepsilon + \mu)(b + u + z)}{(1 - \gamma)\eta(m_1 + \mu)} \left(1 - \frac{xy\zeta_{ve}}{b + u + z} - \frac{(xy\zeta_{va} + x(1 - \gamma)\zeta_{sa}\eta)(\theta\omega)}{(b + u + z)(u + \tau)} - \right. \\
 &\quad \left. \frac{(xy\zeta_{vi} + x(1 - \gamma)\zeta_{si}\eta)(cz + uz + \sigma\alpha\varphi\rho)}{(c + u)(b + u + z)(d + u)} \right),
 \end{aligned}$$

serta titik kesetimbangan bebas penyakit T_1 dengan $R_0 = 1$ memiliki enam nilai eigen negatif dan satu nilai eigen nol. Nilai eigen nol tersebut memiliki vektor eigen kanan $(v_1, v_2, v_3, v_4, v_5, v_6, v_7)$ dan vektor eigen kiri $(w_1, w_2, w_3, w_4, w_5, w_6, w_7)$ berikut ini. Misal $v_4 > 0$ bebas, maka

$$\begin{aligned}
 v_1 &= - \frac{J_{13}v_3 + J_{14}v_4 + J_{16}v_6}{J_{11}} \\
 &= \frac{v_4 x(1 - \gamma\eta) \left(\zeta_{sa} + \frac{(u + \tau)((c + u)(-(d + u)\zeta_{se} + z\zeta_{si}) - \alpha\sigma\rho\varphi\zeta_{si})}{(c + u)(d + u)\theta\omega} \right)}{u + \gamma\varepsilon} < 0 \\
 v_2 &= \frac{J_{21}v_1 + J_{23}v_3 + J_{24}v_4 + J_{26}v_6}{J_{22}}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 &= \frac{v_4 x}{u} \left(y\zeta_{va} - \frac{y\zeta_{ve}(u + \tau)}{\theta\omega} + \frac{y\zeta_{vi}(u + \tau)((c + u)z - \alpha\sigma\varrho\varphi)}{(c + u)(d + u)\theta\omega} - \right. \\
 &\quad \left. \frac{(1 - \gamma)\gamma\varepsilon\eta \left(\zeta_{sa} + \frac{(u + \tau)((c + u)(-(d + u)\zeta_{se} + z\zeta_{si}) - \alpha\varrho\sigma\varphi\zeta_{si})}{(c + u)(d + u)\theta\omega} \right)}{u + \gamma\varepsilon} \right) > 0 \\
 v_3 &= \frac{J_{44}v_4}{J_{43}} = -\frac{v_4(u + \tau)}{\theta\omega} < 0 \text{ dan } v_5 = \frac{J_{53}v_3}{J_{55}} = \frac{v_4\alpha\sigma(u + \tau)}{(c + u)\theta\omega} > 0 \\
 v_6 &= \frac{J_{63}v_3 + J_{65}v_5}{J_{66}} = \frac{v_4(u + \tau)((c + u)z - \alpha\sigma\varrho\varphi)}{(c + u)(d + u)\theta\omega} > 0 \\
 v_7 &= \frac{J_{74}v_4 + J_{75}v_5 + J_{76}v_6}{J_{77}} \\
 &= -\frac{v_4((c + u)(d + u)\theta\omega\tau - (d + u)\alpha\sigma\beta(u + \tau)(-1 + \varphi) + \rho(u + \tau)((c + u)z - \alpha\sigma\varrho\varphi))}{u(c + u)(d + u)\theta\omega} < 0.
 \end{aligned}$$

Misal $w_6 > 0$ bebas, maka

$$\begin{aligned}
 w_1 &= w_2 = w_7 = 0 \\
 w_3 &= \frac{J_{66}w_6}{J_{36}} \\
 &= -\frac{(d + u)w_6}{x(y\zeta_{vi} + (1 - \gamma)\zeta_{si}\eta)} < 0 \\
 w_4 &= \frac{J_{34}w_3}{J_{44}} \\
 &= \frac{(d + u)w_6(y\zeta_{va} + (1 - \gamma)\zeta_{sa}\eta)}{(y\zeta_{vi} + (1 - \gamma)\zeta_{si}\eta)(u + \tau)} > 0 \\
 w_5 &= \frac{J_{65}w_6}{J_{55}} = -\frac{w_6\varrho\varphi}{c + u} < 0
 \end{aligned}$$

Selanjutnya didefinisikan persamaan a dan b sesuai dengan Teorema *Castillo-Chaves & Song* [21], sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 a &= \sum_{k,i,j=1}^n w_k v_i v_j \frac{\partial^2 f_k}{\partial x_i \partial x_j} (T^1, \phi^*) \\
 b &= \sum_{k,i,j=1}^n w_k v_i \frac{\partial^2 f_k}{\partial x_i \partial \varphi} (T^1, \phi^*)
 \end{aligned} \tag{14}$$

Berdasarkan persamaan (13) diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_1 \partial x_3}(T^1, \phi^*) &= (1 + \gamma)\zeta_{se}\eta, \\ \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_1 \partial x_4}(T^1, \phi^*) &= (1 + \gamma)\zeta_{sa}\eta, \\ \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_1 \partial x_6}(T^1, \phi^*) &= (1 + \gamma)\zeta_{si}\eta \\ \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_2 \partial x_3}(T^1, \phi^*) &= k\zeta_{ve}, \\ \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_2 \partial x_4}(T^1, \phi^*) &= k\zeta_{va}, \\ \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_2 \partial x_6}(T^1, \phi^*) &= k\zeta_{vi} \\ \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_3 \partial \phi}(T^1, \phi^*) &= \frac{(1 - \gamma)\eta(m_1 + \Pi)}{m_2 + \gamma\varepsilon + \mu} \end{aligned}$$

Selanjutnya, berdasarkan persamaan (14) diperoleh

$$\begin{aligned} a &= -v_4^2 w_6 \frac{((a_1)(a_2) + (a_3)(a_4 - (1 - \gamma)\gamma\varepsilon\eta(a_2)))}{u(c + u)^2(d + u)(u + \gamma\varepsilon)(y\zeta_{vi} - (1 - \gamma)\zeta_{si}\eta)\theta^2\omega^2} < 0 \\ b &= w_3 v_3 \frac{\partial^2 f_3}{\partial x_3 \partial \phi} \\ &= \left(-\frac{(d + u)w_6}{x(y\zeta_{vi} + (1 - \gamma)\zeta_{si}\eta)} \right) \left(-\frac{v_4(u + \tau)}{\theta\omega} \right) \left(\frac{(1 - \gamma)\eta(m_1 + \Pi)}{m_2 + \gamma\varepsilon + \mu} \right) \\ &= \frac{(d + u)v_4 w_6 (1 - \gamma)\eta(m_1 + \Pi)(u + \tau)}{x(y\zeta_{vi} + (1 - \gamma)\zeta_{si}\eta)\theta\omega(m_2 + \gamma\varepsilon + \mu)} > 0 \end{aligned}$$

dimana

$$\begin{aligned} a_1 &= u(c + u)(d + u)(\eta - \gamma\eta)^2(\zeta_{sa}\theta\omega - \zeta_{se}(u + \tau)) + u\zeta_{si}(\eta - \gamma\eta)^2(u + \tau) \\ &\quad ((c + u)z - \alpha\sigma\rho\phi) < 0 \\ a_2 &= ((c + u)(d + u)(\zeta_{sa}\theta\omega - \zeta_{se}(u + \tau)) + (u + \tau)((c + u)z\zeta_{si} - \alpha\sigma\rho\phi\zeta_{si})) < 0 \\ a_3 &= k(c + u)(d + u)(\zeta_{va}\theta\omega - \zeta_{ve}(u + \tau)) + k\zeta_{vi}(u + \tau)((c + u)z - \alpha\sigma\rho\phi) < 0 \\ a_4 &= ((c + u)(d + u)y(u + \gamma\varepsilon)(\zeta_{va}\theta\omega - \zeta_{ve}(u + \tau)) + y(u + \gamma\varepsilon)\zeta_{vi}(u + \tau) \\ &\quad ((c + u)z - \alpha\sigma\rho\phi)) < 0 \end{aligned}$$

Dari persamaan diatas dapat ditunjukkan secara numerik dengan bantuan aplikasi bahwa $a_1, a_2, a_3, a_4 < 0$, sehingga didapat nilai $a > 0$ dan $b < 0$. Karena nilai $a < 0$ dan $b > 0$ menyebabkan kasus 4 dalam teorema *Castillo-Chaves & Song* [21] terpenuhi. Hal tersebut menunjukkan bila ϕ berubah dari $\phi < 0$ menjadi $\phi > 0$, mengakibatkan titik kesetimbangan T_1 mengalami perubahan dari stabil menjadi tidak stabil, selain itu titik kesetimbangan endemik T_2 mengalami perubahan dari negatif menjadi positif dan stabil asimtotik lokal. Artinya, jika $R_0 > 1$, maka titik kesetimbangan endemik T_2 stabil asimtotik lokal. \square

3.4. Analisis Sensitivitas dan Simulasi Numerik

3.4.1. Nilai Awal dan Nilai Parameter

Nilai parameter sekunder diperlukan untuk melakukan analisis sensitivitas dan simulasi numerik. Nilai parameter diperoleh dari data sekunder yakni dari berbagai rujukan dan

berdasarkan asumsi. Nilai awal yang digunakan pada model adalah $s = 0,7723, v = 0,2014, e = 0,0062, a = 0,006, q = 0,0051, i = 0,007$, dan $r = 0,002$. Adapun nilai parameter untuk setiap populasi disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Nilai Parameter Model (1)

Parameter	$R_0 < 1$	Sumber	$R_0 > 1$	Sumber
Π	0.01	[7]	0.01	[7]
μ	0.0000357	[6]	0.0000357	[6]
η	0.2	[6]	0.2	[6]
ζ_{se}	0.09	[6]	0.9	Asumsi
ζ_{sa}	0.07	[6]	0.7	Asumsi
ζ_{si}	0.05	[6]	0.5	Asumsi
ζ_{ve}	0.03	Asumsi	0.03	Asumsi
ζ_{va}	0.01	Asumsi	0.01	Asumsi
ζ_{vi}	0.02	Asumsi	0.02	Asumsi
θ	0.12	[6]	0.12	[6]
σ	0.04	[6]	0.04	[6]
α	0.13266	[6]	0.13266	[6]
ω	0.07143	[22]	0.005	[6]
ϖ	0.00048	[6]	0.00048	[6]
ϱ	0.1259	[6]	0.1259	[6]
φ	0.2	[22]	0.05	[6]
τ	0.854302	[6]	0.854302	[6]
β	0.11624	[6]	0.11624	[6]
ρ	0.27	[22]	0.33029	[6]
δ	0.0075	[7]	0.0075	[7]
γ	0.2	Asumsi	0.2	Asumsi
ε	0.5	Asumsi	0.05	Asumsi
k	0.01	[22]	0.01	[22]
m_1	0.081	[7]	0.081	[7]
m_2	0.081	[7]	0.081	[7]

3.4.2. Analisis Sensitivitas

Analisis sensitivitas yang dilakukan dalam penelitian ini ialah analisis sensitivitas lokal yang bertujuan untuk mengetahui parameter-parameter berpengaruh secara signifikan terhadap nilai bilangan reproduksi dasar (R_0). Bilangan reproduksi dasar yang digunakan dalam analisis sensitivitas adalah ketika $R_0 > 1$ yang merepresentasikan terjadinya penyebaran COVID-19. Berdasarkan hal tersebut, perlu dipahami sensitivitas parameternya, yakni upaya yang diperlukan untuk menahan penyebaran COVID-19. Analisis sensitivitas dilakukan dengan menentukan indeks sensitivitas parametrik. Indeks sensitivitas bilangan reproduksi dasar yang dinormalisasi mengacu pada Chitnis, *et al.* [23] yang didefinisikan sebagai:

$$C_p^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial p} \times \frac{p}{R_0}$$

dimana p ialah berbagai parameter yang ada dalam bilangan reproduksi dasar yaitu $\Pi, \mu, \eta, \zeta_{se}, \zeta_{sa}, \zeta_{si}, \zeta_{ve}, \zeta_{va}, \zeta_{vi}, \theta, \sigma, \alpha, \omega, \varpi, \varrho, \varphi, \tau, \beta, \rho, \delta, \gamma, \varepsilon, k, m_1, m_2$.

Nilai parameter pada Tabel 2 disubstitusi ke analisis sensitivitas untuk persamaan $C_p^{R_0}$. Selanjutnya diperoleh $R_0 = 1,59848$ dan nilai indeks sensitivitas masing-masing parameter disajikan pada Tabel 3

Tabel 3 menunjukkan urutan nilai indeks sensitivitas dari yang tertinggi ke yang terendah. Dengan demikian dapat diambil kesimpulan bahwa setiap parameter memiliki dampak yang berbeda pada R_0 . Indeks sensitivitas positif memperlihatkan bahwa berubahnya nilai parameter berbanding lurus dengan berubahnya bilangan

Tabel 3. Nilai Indeks Sensitivitas

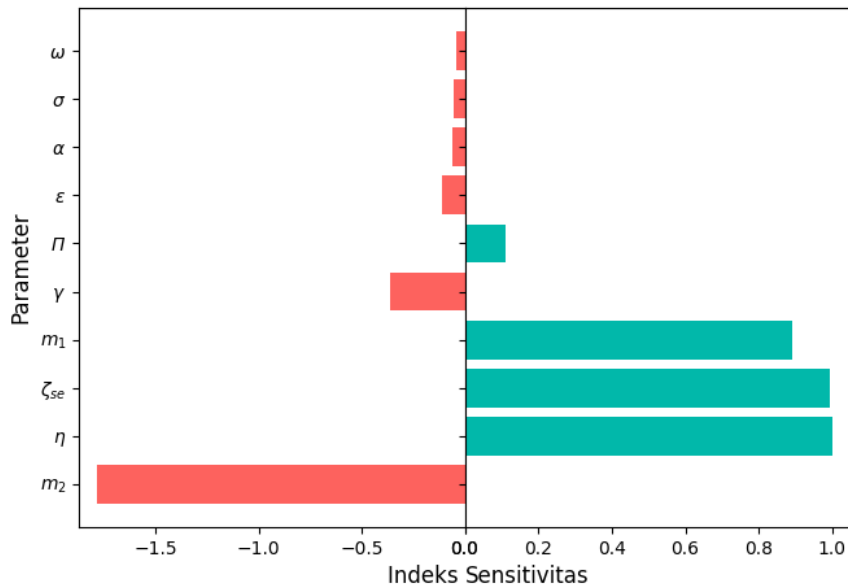
Parameter	Indeks Sensitivitas	Parameter	Indeks Sensitivitas
m_2	-1,78527	μ	-0,000786841
η	0,999743	ω	-0,000588152
ζ_{se}	0,993935	k	0,000257311
m_1	0,89011	ζ_{ve}	0,000255529
γ	-0,359525	φ	0,000222221
Π	0,10989	ρ	0,000215674
ε	-0,10959	β	-0,000124391
α	-0,058347	δ	-0,000103178
σ	-0,0564032	ζ_{sa}	0,0000476066
ω	-0,0408187	τ	-0,0000434869
ζ_{si}	0,00576004	ζ_{vi}	0,00000177701
θ	0,00524309	ζ_{va}	0,00000000524533
ρ	-0,00454382		

reproduksi dasar. Dengan kata lain, jika nilai parameter meningkat (menurun) dan parameter lainnya tidak berubah maka dapat membantu dalam peningkatan (penurunan) bilangan reproduksi dasar (R_0). Namun, indeks sensitivitas yang bernilai negatif memperlihatkan bahwa berubahnya nilai parameter berbanding terbalik dengan berubahnya bilangan reproduksi dasar. Dengan kata lain jika nilai parameter meningkat (menurun) sementara parameter lainnya tidak berubah, maka dapat membantu dalam penurunan (peningkatan) bilangan reproduksi dasar (R_0). Analisis sensitivitas menunjukkan bahwa parameter laju emigrasi dan parameter peluang infeksi setelah kontak antara individu terinfeksi dengan individu rentan tanpa vaksinasi ialah parameter yang paling sensitif terhadap perubahan bilangan reproduksi dasar.

Berdasarkan nilai indeks sensitivitas pada Tabel 3, terdapat beberapa parameter yang paling sensitif terhadap perubahan nilai R_0 . Dilakukan perhitungan indeks sensitivitas untuk mengetahui seberapa besar pengaruh dari berubahnya nilai parameter terhadap perubahan R_0 . Nilai indeks sensitivitas dijadikan sebagai pertimbangan dalam menurunkan bilangan reproduksi dasar. Hasil perhitungan indeks sensitivitas secara visual dapat dilihat pada Gambar 2.

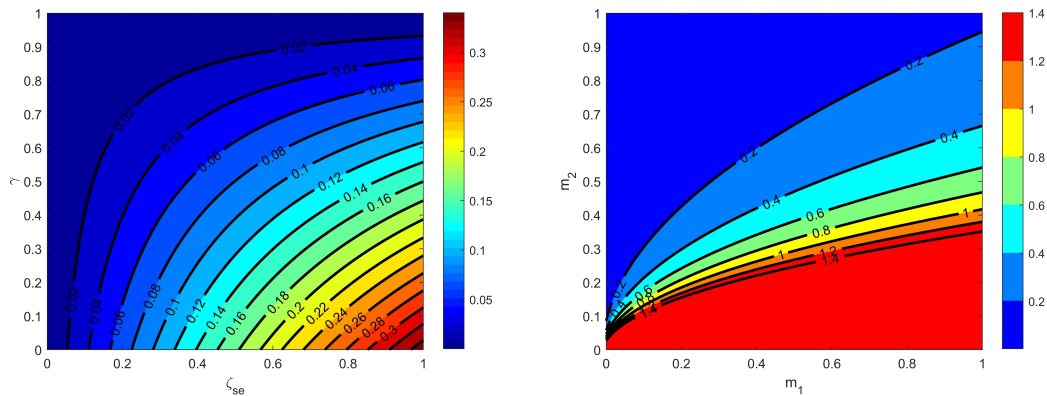
Pada Gambar 2 terlihat bahwa parameter yang paling sensitif terhadap perubahan nilai R_0 adalah laju emigrasi (m_2), peluang infeksi setelah kontak antara individu yang terinfeksi dan rentan tanpa vaksinasi (η), laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar (ζ_{se}), laju imigrasi (m_1).

Parameter yang menjadi fokus pengamatan terhadap perubahan R_0 yaitu laju emigrasi (m_2), peluang infeksi setelah kontak antara individu yang terinfeksi dan rentan tanpa vaksinasi (η), laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar (ζ_{se}), proporsi individu rentan yang diberikan vaksin (γ), dan laju vaksinasi (ε). Nilai indeks sensitivitas m_2 ialah $-1,78527$, hal ini menunjukkan dengan meningkatnya laju emigrasi sebesar satu satuan akan menekan nilai R_0 sebanyak $1,78527$ satuan. Sedangkan nilai indeks sensitivitas η ialah $0,999743$, perihal ini menunjukkan dengan meningkatnya peluang infeksi setelah kontak antara individu yang terinfeksi dan rentan tanpa vaksinasi sebesar satu satuan akan meningkatkan nilai R_0 sebanyak $0,999743$ satuan. Hal yang sama berlaku untuk parameter ζ_{se} dengan nilai indeks sensitivitas $0,993935$ yang artinya dengan meningkatkan laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar sebesar satu satuan akan meningkatkan nilai R_0 sebanyak



Gambar 2. Nilai indeks sensitivitas R_0 terhadap parameter model SVEAQIR

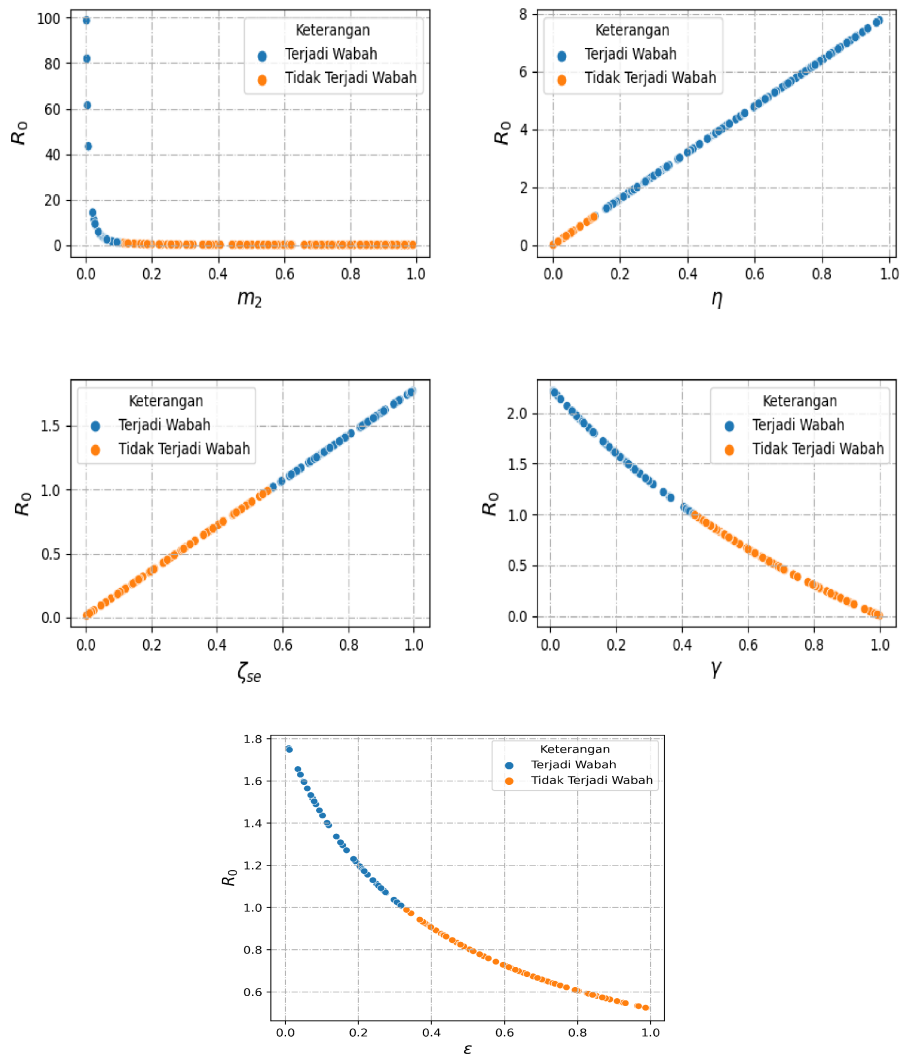
0,993935 satuan. Adapun peningkatan proporsi dari individu rentan ke individu yang telah melakukan vaksinasi dan laju vaksinasi sebesar satu satuan masing-masing dapat menurunkan nilai R_0 sebanyak 0,359525 satuan dan 0,10959 satuan. Dampak dari perubahan nilai parameter model terhadap perubahan nilai R_0 secara visual dapat dilihat pada Gambar 3 dan Gambar 4.



Gambar 3. Contour plot parameter model terhadap R_0

Adapun hasil perhitungan terhadap perubahan nilai laju kontak antara individu rentan dengan individu terpapar (ζ_{se}) dan perubahan nilai proporsi individu rentan yang diberikan vaksin (γ) mengakibatkan terjadinya pergeseran nilai R_0 sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 3. Peningkatan nilai proporsi individu yang diberikan vaksin disertai penurunan nilai laju kontak antar individu rentan dengan individu terpapar mengakibatkan terjadinya penurunan nilai R_0 . Sebaliknya peningkatan nilai laju kontak antara individu rentan dan individu terpapar disertai penurunan nilai proporsi individu yang diberi vaksin mengakibatkan nilai R_0 semakin meningkat. Selain itu, parameter yang juga memberikan pengaruh terhadap nilai R_0 serta keberadaan

penyakit dalam populasi adalah laju imigrasi (m_1) dan laju emigrasi (m_2). Sebagaimana dapat dilihat pada Gambar 3, peningkatan laju imigrasi disertai penurunan laju emigrasi dapat mengakibatkan nilai R_0 turut meningkat hingga mencapai kondisi penyakit bertahan atau selalu ada dalam populasi manusia. Pada kondisi sebaliknya, nilai R_0 semakin menurun hingga mencapai keadaan penyakit menghilang dari populasi manusia.



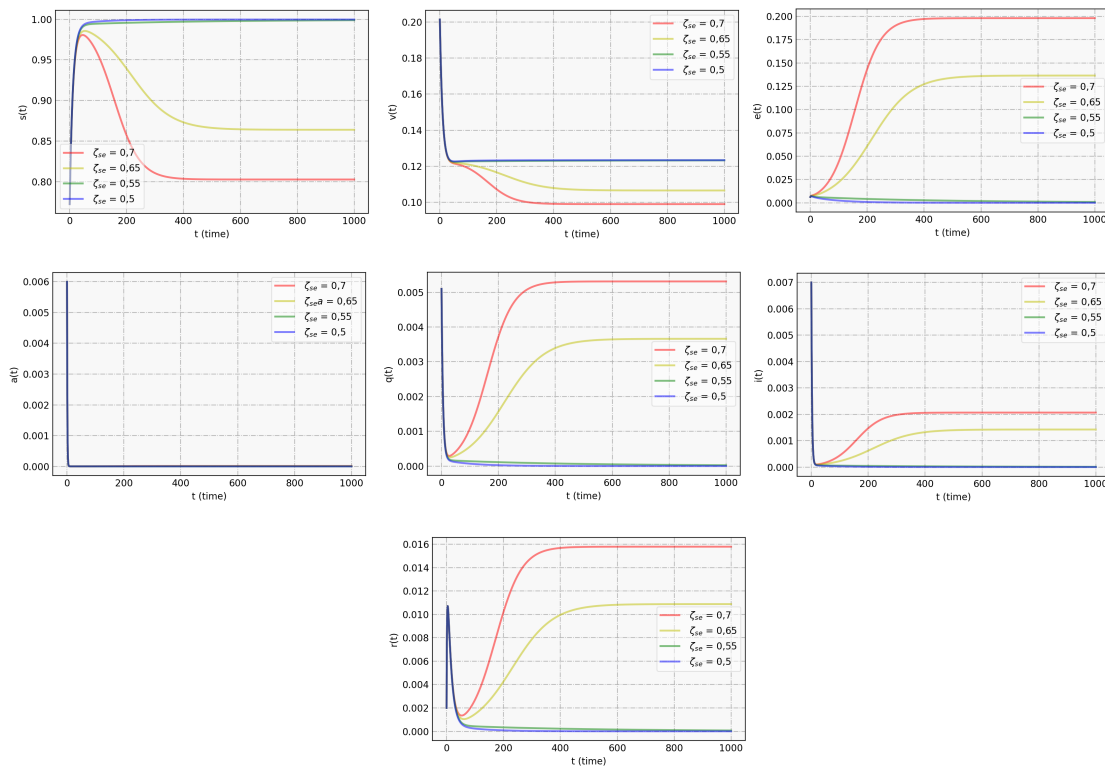
Gambar 4. Pengaruh parameter $m_2, \eta, \zeta_{se}, \gamma,$ dan ϵ terhadap perubahan R_0

Gambar 4 menunjukkan bahwa dalam suatu populasi tidak terjadi wabah atau wabah menghilang maka besar nilai kelima parameter masing-masing ialah laju emigrasi (m_2) berada disekitar atau lebih dari 0,2 atau sebesar 54.445.874 orang dalam populasi melakukan emigrasi, peluang kontak antara individu terinfeksi dengan individu rentan tanpa vaksinasi (η) berada kurang dari 0,2 atau sebesar 53.593.128 orang yang rentan terhadap penyakit berinteraksi dengan individu terinfeksi, laju kontak antara individu rentan dengan individu terpapar ζ_{se} berada kurang dari 0,6 atau sebesar 162.779.384 orang yang rentan terhadap penyakit berkontak dengan individu terpapar, proporsi individu rentan yang diberikan vaksin (γ) dan laju vaksinasi (ϵ) berada lebih dari 0,4

atau sekitar 107.186.256 orang yang rentan terhadap penyakit melakukan vaksinasi.

3.4.3. Simulasi Laju Kontak antara Individu Rentan dengan Individu Terpapar terhadap Penyebaran COVID-19 pada Dinamika Populasi

Simulasi ini dilakukan untuk mengetahui dampak dari laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar terhadap penyebaran COVID-19. Pengaruh laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar terhadap dinamika populasi disajikan pada Gambar 5.

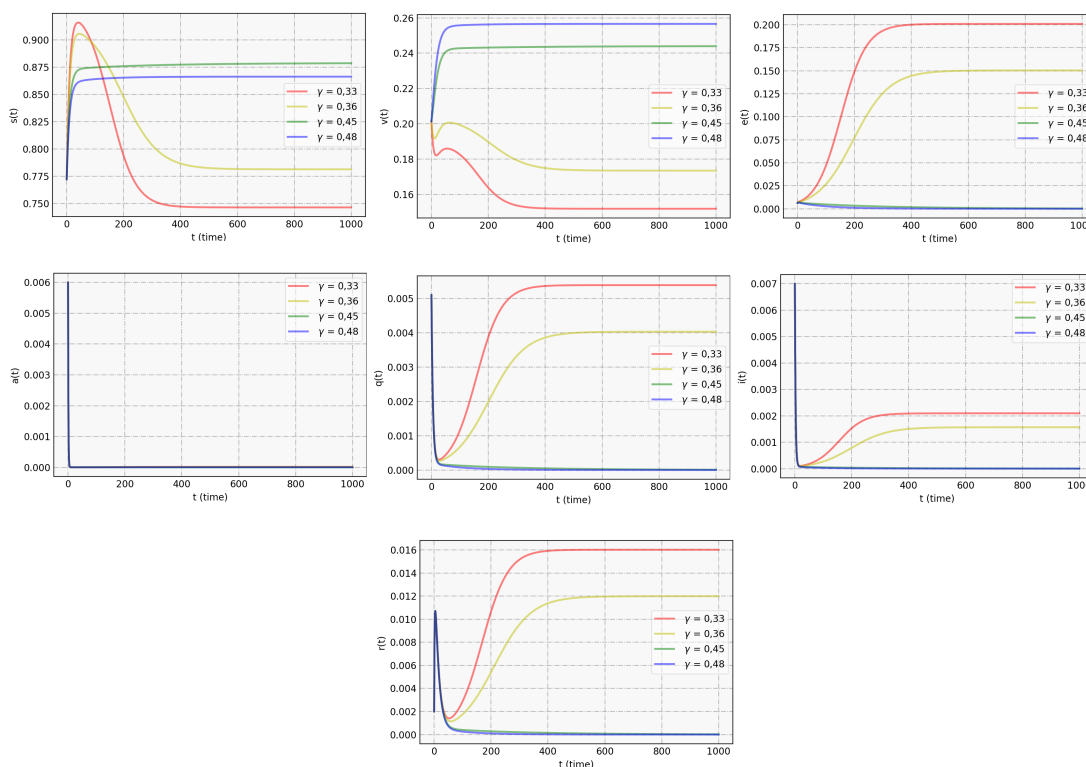


Gambar 5. Pengaruh laju kontak antara individu rentan dengan individu terpapar terhadap dinamika populasi s, v, e, a, q, i, r

Gambar 5 menunjukkan perubahan dari nilai laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar (ζ_{se}) dapat berpengaruh terhadap dinamika populasi. Jika laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar diperkecil dan nilai parameter lainnya konstan atau tidak berubah, maka menyebabkan semakin meningkatnya jumlah populasi individu rentan dan populasi individu yang telah divaksinasi. Adapun jumlah populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi tanpa gejala klinis, populasi individu yang dikarantina, populasi individu terinfeksi dengan gejala klinis, dan populasi individu yang sembuh dari COVID-19 menurun. Hal ini menunjukkan bahwa dengan menekan laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar dapat menurunkan jumlah individu yang terinfeksi, individu yang dikarantina dan individu sembuh dari COVID-19.

3.4.4. Simulasi Proporsi Individu Rentan yang Diberikan Vaksin terhadap Penyebaran COVID-19 pada Dinamika Populasi

Simulasi ini dilakukan untuk mengetahui dampak dari proporsi individu rentan yang diberikan vaksin terhadap penyebaran penyakit COVID-19. Pengaruh individu rentan yang diberikan vaksin terhadap dinamika populasi disajikan pada Gambar 6.

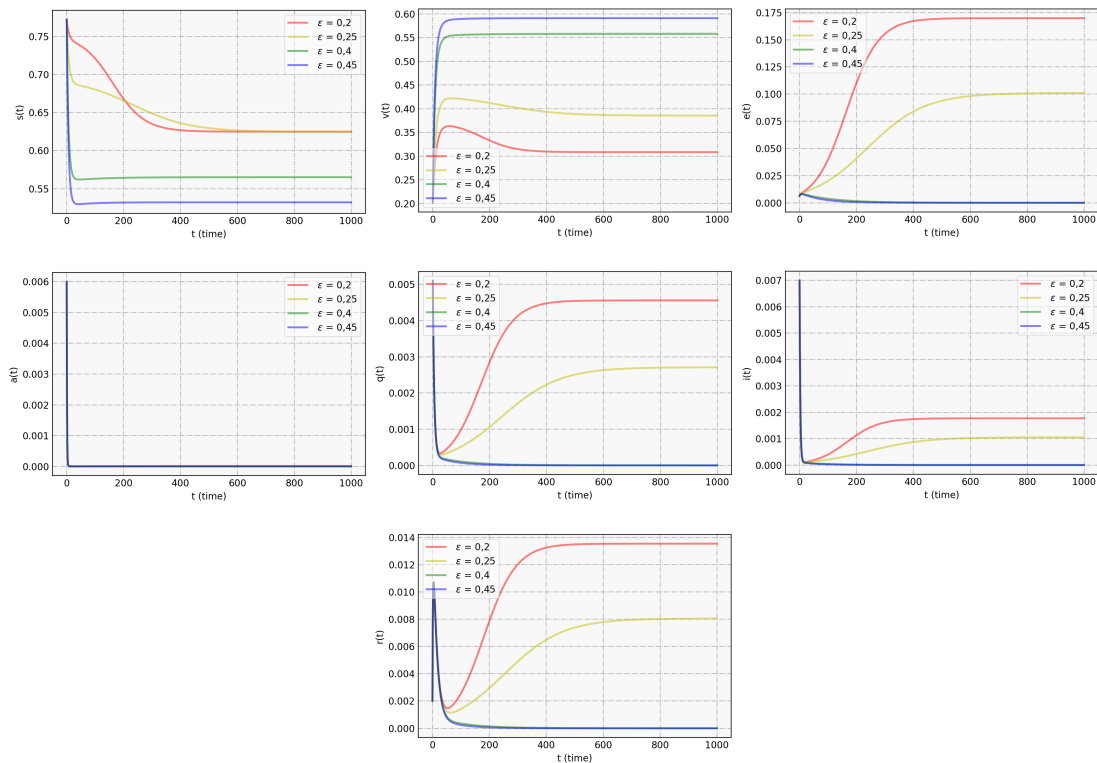


Gambar 6. Pengaruh proporsi individu rentan yang diberikan vaksin terhadap dinamika populasi s, v, e, a, q, i, r

Gambar 6 menunjukkan perubahan nilai proporsi individu rentan yang diberikan vaksin (γ) dapat berpengaruh terhadap dinamika populasi. Jika proporsi individu rentan yang diberikan vaksin diperbesar dan nilai parameter lainnya konstan atau tidak berubah, maka dapat memperlambat bertambahnya jumlah populasi rentan ketika $R_0 > 1$ dan dapat memperlambat berkurangnya jumlah populasi rentan ketika $R_0 < 1$, menyebabkan semakin meningkatnya jumlah populasi individu yang telah divaksinasi, serta dapat menekan jumlah populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi tanpa gejala klinis, populasi individu yang dikarantina, populasi individu terinfeksi dengan gejala klinis, serta populasi individu yang sembuh dari COVID-19. Hal ini menunjukkan bahwa jumlah individu terpapar, individu terinfeksi tanpa gejala klinis, populasi individu yang dikarantina, populasi individu terinfeksi dengan gejala klinis, serta populasi individu sembuh dapat berkurang dengan meningkatnya proporsi individu rentan yang divaksinasi.

3.4.5. Simulasi Laju Vaksinasi terhadap Penyebaran COVID-19 pada Dinamika Populasi

Simulasi ini dilakukan untuk mengetahui dampak dari laju vaksinasi terhadap penyebaran penyakit COVID-19. Pengaruh laju vaksinasi terhadap penyebaran COVID-19 pada dinamika populasi disajikan pada Gambar 7.



Gambar 7. Pengaruh laju vaksinasi terhadap dinamika populasi s, v, e, a, q, i, r

Gambar 7 menunjukkan perubahan dari nilai laju vaksinasi (ϵ) dapat berpengaruh terhadap dinamika populasi. Jika laju vaksinasi diperbesar dan nilai parameter lainnya konstan atau tidak berubah, maka menyebabkan semakin berkurangnya jumlah populasi individu rentan, populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi tanpa gejala klinis, populasi individu yang dikarantina, populasi individu terinfeksi memiliki gejala klinis dan populasi individu yang sembuh dari COVID-19. Adapun jumlah populasi individu yang telah divaksinasi meningkat. Hal ini menunjukkan bahwa jumlah individu rentan, individu terpapar, individu terinfeksi tanpa gejala klinis, individu yang dikarantina, individu terinfeksi memiliki gejala klinis serta individu yang sembuh dari COVID-19 dapat berkurang dengan adanya upaya vaksinasi yang diberikan pada individu rentan.

4. Kesimpulan

Modifikasi model pada penelitian ini dilakukan dengan menambahkan populasi manusia yang telah melakukan vaksinasi dan manusia yang melakukan migrasi pada model acuan sehingga menghasilkan model penyebaran COVID-19 tipe *SVEAQIR*. Analisis kestabilan model matematika menunjukkan bahwa terdapat dua jenis titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit T_1 dan titik kesetimbangan endemik T_2 . Titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal ketika

$R_0 < 1$ dan titik kesetimbangan endemik bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 > 1$. Simulasi secara numerik menunjukkan bahwa perubahan nilai parameter yang sensitif yaitu parameter $m_2, \eta, \zeta_{se}, \gamma$ dan ε berpengaruh signifikan terhadap angka bilangan reproduksi dasar. Dengan adanya penekanan peluang infeksi setelah kontak antara individu yang terinfeksi dan rentan tanpa vaksinasi dan laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar, serta adanya peningkatan individu yang divaksin dapat menekan angka bilangan reproduksi dasar hingga kurang dari 1. Hal ini menunjukkan bahwa penekanan peluang infeksi pada individu rentan dan laju kontak antara individu yang rentan dan terpapar, serta peningkatan jumlah individu yang melakukan emigrasi dan yang divaksinasi dapat menekan penularan penyakit COVID-19.

Referensi

- [1] R. H. Pasaribu, Z. I. S. Harahap, B. A. Putra, and S. L. A. Siregar, "Aplikasi Pemodelan Matematika dalam Memodelkan Penyebaran Virus COVID-19 di Indonesia," in *Semin. Nas. Mat. dan Pendidik. Mat*, vol. 5, 2020, pp. 194–199.
- [2] WHO, "WHO Health Emergency Dashboard," 2021, [Online] Available at: <https://covid19.who.int/region/searo/country/id/>.
- [3] R. Resmawan and L. Yahya, "Sensitivity Analysis of Mathematical Model of Coronavirus Disease (COVID-19) Transmission," *CAUCHY*, vol. 6, no. 2, pp. 91–99, 2020, doi: 10.18860/ca.v6i2.9165.
- [4] S. Bugalia, V. P. Bajiya, J. P. Tripathi, M.-T. Li, and G.-Q. Sun, "Mathematical Modeling Of COVID-19 Transmission: The Roles Of Intervention Strategies And Lockdown," *Math. Biosci. Eng.*, vol. 17, no. 5, pp. 5961–5986, 2020, doi: 10.3934/mbe.2020318.
- [5] S. Cakan, "Dynamic Analysis Of A Mathematical Model with Health Care Capacity for COVID-19 Pandemic," *Chaos, Solitons and Fractals*, vol. 139, 2020, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110033.
- [6] R. Resmawan, A. R. Nuha, and L. Yahya, "Analisis Dinamik Model Transmisi COVID-19 dengan Melibatkan Intervensi Karantina," *Jambura J. Math*, vol. 3, no. 1, pp. 66–79, 2021, doi: 10.34312/jjom.v1i1.8699.
- [7] M. S. P. Pramudito, "Model SEIR Penyakit COVID-19 dengan Adanya Migrasi dan Pemberian Vaksin," *MATH Unesa*, vol. 09, no. 02, pp. 260–267, 2021.
- [8] L. A. Fauzia, "Analisis Pemodelan Matematika Penularan COVID-19 dengan Tindakan Rawat Inap di Rumah Sakit," *MATH Unesa*, vol. 09, no. 01, pp. 126–132, 2021.
- [9] Abdullah, S. Ahmad, S. Owyed, A.-H. Abdel-Aty, E. E. Mahmoud, K. Shah, and H. Alrabaiiah, "Mathematical Analysis of COVID-19 Via New Mathematical Model," *Chaos, Solitons and Fractals*, vol. 143, p. 110585, 2021, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110585.
- [10] K. Mu'tamar, S. Putra, and S. A. Perdana, "Analysis of the Spread of Covid-19 Using SIR Models and Vaccination with Parameter Estimations," *Barekeng*, vol. 15, no. 2, pp. 323–334, 2021, doi: 10.30598/barekengvol15iss2pp323-334.
- [11] S. Utina, I. Djakaria, I. K. Hasan, R. Resmawan, A. R. Nuha, and S. K. Nasib, "Model stokastik tipe sirv pada penyebaran covid-19 dengan mempertimbangkan efektivitas vaksinasi," *JFOURIER*, vol. 11, no. 1, pp. 7–16, 2022, doi: 10.14421/fourier.2022.111.7-16.
- [12] R. Resmawan, L. Yahya, R. S. Pakaya, H. S. Panigoro, and A. R. Nuha, "Analisis dinamik model penyebaran covid-19 dengan vaksinasi," *Jambura Journal of Biomathematics (JJBM)*, vol. 3, no. 1, pp. 29–38, 2022, doi: 10.34312/jjbm.v3i1.13176.
- [13] S. Javeed, S. Anjum, K. Saleem, M. Atif, M. Shaukat, W. A. Farooq, A. Hanif, H. Ahmad, and S.-w. Yao, "A Novel Mathematical Model for COVID-19 with Remedial Strategies," *Results in Physics*, vol. 27, p. 104248, 2021, doi: 10.1016/j.rinp.2021.104248.
- [14] A. A. Sitinjak, "Penentuan Rumus Bilangan Reproduksi Dasar pada Model Matematika COVID-19 dari Model SIR yang Dimodifikasi," *Edumatsains*, vol. 2, no. 2, pp. 203–210, 2021, doi: 10.33541/edumatsains.v5i2.2222.
- [15] Z. Armandani and Y. Fuad, "Penerapan Model SEQIR dengan Kontrol Optimal pada Sistem

- Dinamik Pandemi COVID-19," *J. Ilm. Mat. MATH Unesa*, vol. 9, no. 2, pp. 366–379, 2021, doi: 10.26740/mathunesa.v9n2.p366-379.
- [16] M. Manaqib, I. Fauziah, and E. Hartati, "Model matematika penyebaran COVID-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina," *Jambura J. Biomath*, vol. 2, no. 2, pp. 68–79, 2021, doi: 10.34312/jjbm.v2i2.10483.
- [17] A. R. Nuha, N. Achmad, and N. Supu, "Analisis Model Matematika Penyebaran COVID-19 dengan Intervensi Vaksinasi dan Pengobatan," *Jurnal Matematika UNAND*, vol. 10, no. 3, pp. 406–422, 2021.
- [18] A. J. Kucharski, T. W. Russell, C. Diamond, Y. Liu, J. Edmunds, S. Funk, and R. M. Eggo, "Early Dynamics of Transmission And Control of COVID-19: A Mathematical Modelling Study," *Lancet Infect Dis*, vol. 20, pp. 553–558, 2020, doi: 10.1016/S1473-3099(20)30144-4.
- [19] S. E. Ramdhani, "Model Matematika Penyebaran COVID-19 dengan Pengaruh Pengobatan," *J. Ilm. Mat. MATH Unesa*, vol. 9, no. 1, 2021.
- [20] P. V. D. Driessche and J. Wathmough, "Reproduction issues and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission," *Mathematical Biosciences*, vol. 180, no. 1-2, pp. 29–48, 2002, doi: 10.1016/S0025-5564(02)00108-6.
- [21] C. Castillo-Chavez and B. Song, "Dynamical Models of Tuberculosis and Their Applications Carlos Castillo-Chavez," *Math. Biosci. Eng.*, vol. 1, no. 2, pp. 361–404, 2004.
- [22] M. Azizah, "Model Matematika Penyebaran Penyakit Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) dengan Vaksinasi, Isolasi Mandiri, dan Karantina di Rumah Sakit," Ph.D. dissertation, Universitas Negeri Syarif Hidayatullah, 2021.
- [23] N. Chitnis, J. M. Hyman, and J. M. Cushing, "Determining Important Parameters in the Spread of Malaria Through the Sensitivity Analysis of a Mathematical Model," *Bull. Math. Biol.*, vol. 70, pp. 1272–1296, 2008, doi: 10.1007/s11538-008-9299-0.



This article is an open-access article distributed under the terms and conditions of the [Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/). Editorial of JJoM: Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo, Jln. Prof. Dr. Ing. B.J. Habibie, Moutong, Tilongkabila, Kabupaten Bone Bolango, Provinsi Gorontalo 96554, Indonesia.