

ANALISIS MODEL SEIQR PENYEBARAN PENYAKIT CORONA VIRUS DISEASE 2019 (COVID-19)

Devi Triana¹⁾

¹⁾Program Studi Matematika, Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,
Universitas Halu Oleo, Kendari, Indonesia
Email: devytriana55@gmail.com

Asrul Sani^{1,a)}, Mukhsar^{2,b)}, Muhammad Kabil Djafar^{1,c)}, Arman^{1,d)} dan Jufra^{1,e)}

¹⁾Program Studi Matematika, Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,
Universitas Halu Oleo, Kendari, Indonesia

²⁾Program Studi Statistika, Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas
Halu Oleo, Kendari, Indonesia

Email: ^{a)}saniarjul1969@gmail.com, ^{b)}mukhsar.mtmk@uho.ac.id, ^{c)}kabildjafar@gmail.com,
^{d)}arman.mtmk@uho.ac.id, dan ^{e)}arman.mtmk@uho.ac.id

ABSTRAK

Penelitian ini mengembangkan model SEIQR untuk memodelkan penyebaran penyakit Covid-19 dengan menambahkan faktor penggunaan masker kesehatan dan karantina. Populasi dibagi menjadi enam subpopulasi yaitu subpopulasi rentan tanpa menggunakan masker kesehatan, subpopulasi rentan dengan menggunakan masker kesehatan, subpopulasi laten, subpopulasi terinfeksi, subpopulasi karantina, dan subpopulasi sembuh. Pembentukan model diawali dengan membuat diagram alur penyebaran virus covid-19 dengan model SEIQR. Dari model matematika yang dibentuk diperoleh dua titik kesetimbangan, yaitu kesetimbangan bebas penyakit dan kesetimbangan endemik. Setelah mendapatkan titik kesetimbangan, dilakukan analisis untuk mencari kestabilan model tersebut. Simulasi numerik titik kesetimbangan bebas penyakit dilakukan untuk memberikan gambaran geometris terkait hasil yang telah dianalisis dengan nilai parameter yang diambil. Dalam simulasi model menghasilkan titik kesetimbangan bebas penyakit stabil pada kondisi R_0 lebih kecil dari 1 dan titik kesetimbangan endemik stabil pada kondisi R_0 lebih besar dari 1. Dari analisis model diperoleh bahwa upaya yang dapat dilakukan agar penyakit tidak mewabah yaitu mengurangi kontak langsung dengan individu terinfeksi, selalu menjaga kebersihan, melakukan karantina dan selalu menjaga jarak.

Kata Kunci: Covid-19, Model SEIQR, Kestabilan Titik Kesetimbangan, Bilangan Reproduksi Dasar.

ABSTRACT

This research discusses the SEIQR model to model the spread of Covid-19 disease by adding the factors of using health masks and quarantine. The population is divided into six subpopulations, namely vulnerable subpopulations without using health masks, vulnerable subpopulations using health masks, latent subpopulations, infected subpopulations, quarantine subpopulations, and recovered subpopulations. Model formation begins with making a flowchart of the spread of the covid-19 virus with the SEIQR model. From the mathematical model formed, two equilibrium points are obtained, namely disease-free equilibrium and endemic equilibrium. After obtaining the equilibrium point, an analysis is carried out to find the stability of the model. Numerical simulation of disease-free equilibrium points is carried out to provide a geometric picture related to the results that have been analyzed with the parameter values taken. In the model simulation, the disease-free equilibrium point is stable under the condition of $R_0 < 1$ and the endemic equilibrium point is stable under the condition of $R_0 > 1$. From the model analysis, it is obtained that efforts that can be made so that the disease does not spread are reducing direct contact with infected individuals, always maintaining cleanliness, quarantining and always maintaining distance.

Keywords: Covid-19, SEIQR Model, Equilibrium Point Stability, Basic Reproduction Number

1. Pendahuluan

Corona Virus Disease 2019 atau yang lebih sering disebut dengan COVID-19 adalah suatu penyakit yang disebabkan oleh virus Covid yang

menyerang saluran pernapasan, menyebabkan demam tinggi, batuk, flu, sesak napas, dan sakit tenggorokan. Virus ini dapat membunuh manusia, sehingga Organisasi Kesehatan Dunia mengklasifikasikannya

sebagai pandemi (WHO, 2020). Menurut Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (2020), virus Covid-19 dapat menyebar melalui tiga cara, yang pertama melalui *droplet* (percikan cairan atau lendir dari mulut dan hidung saat berbicara, batuk dan bersin) saluran pernafasan. Kedua, melalui *direct box* dengan orang yang terinfeksi. Ketiga, melalui kontak dengan permukaan benda yang terkontaminasi virus.

Pemerintah memberlakukan kebijakan WFH (*Work From Home*) untuk mencegah penyebaran virus. Isolasi mandiri, memakai masker dan menjaga jarak juga merupakan tindakan pemutusan mata rantai penularan wabah COVID-19. Di sisi lain, isolasi memiliki dampak besar pada mereka yang mencari nafkah di luar rumah, khususnya sektor informal bagi kelompok yang paling terpinggirkan (Mas'udi, 2020).

Model matematika merupakan sekumpulan persamaan atau pertidaksamaan yang mengungkap perilaku masalah yang sebenarnya. Model matematika didasarkan pada asumsi. Model matematis yang telah terbentuk akan dianalisis sehingga model yang dibuat dapat mempresentasikan masalah yang dimaksud. Banyak permasalahan yang datang dari berbagai bidang ilmu, seperti kesehatan, kimia, biologi, dan bidang lain dimana model matematika dapat dibangun (Ulfa, 2013).

Pemodelan matematika telah banyak diaplikasikan pada berbagai kasus dalam kehidupan sehari-hari. Salah satunya dalam bidang epidemiologi. Matematika memiliki peran yang sangat penting dalam mempelajari dinamika wabah penyakit, dimulai dari kajian pencarian sumber, persebaran, prediksi pola, dan strategi pengobatan. Bidang studi ini sering disebut sebagai matematika epidemiologi (Yuni dkk., 2020).

Beberapa penelitian telah dilakukan untuk memahami dinamika penyebaran virus Covid-19 dan mengusulkan model matematikanya. Dalam sebuah penelitian yang dibahas oleh (Annas dkk., 2020) membahas analisis kestabilan dan simulasi numerik pada model dalam bentuk SEIR. Model tersebut mempertimbangkan faktor vaksinasi dan isolasi sebagai parameter. Analisis model tersebut menghasilkan kestabilan stabil asimtotik secara global dan menghasilkan prediksi dari angka penyebaran COVID-19 dengan menggunakan faktor vaksinasi dan isolasi yang dapat memperlambat penyebaran COVID-19. Selanjutnya, penelitian (Ndairou dkk., 2020) membahas model matematika COVID-19 di Wuhan dengan fokus penyebaran pada

individu *super-spreaders*. Pada penelitian tersebut menghasilkan kestabilan secara lokal dan simulasi numeric menunjukkan kesesuaian model COVID-19 yang diusulkan untuk wabah yang terjadi di Wuhan.

Penelitian juga dilakukan oleh (Mishra dkk., 2020) yang mengembangkan model SEIQR yaitu manusia rentan $S(t)$, populasi yang sedang melakukan imigran $E(t)$, manusia yang terinfeksi disertai gejala klinis $I(t)$, manusia yang dikarantina $Q(t)$, dan manusia yang pulih $R(t)$ dengan membagi kompartemen *quarantine* menjadi dua kompartemen yaitu karantina di rumah atau isolasi mandiri dan karantina di rumah sakit dan terdapat parameter kematian akibat penyakit.

Berdasarkan dari beberapa penelitian yang telah dilakukan, maka penulis dalam penelitian kali ini akan mengkaji simulasi penyebaran virus Covid-19 dengan mengembangkan model SEIQR. Sehingga penulis mengambil judul “Analisis Model SEIQR Penyebaran Penyakit *Coronavirus Disease 2019*.”.

Pada bagian dua dijelaskan mengenai metode penelitian yang akan dilakukan pada penelitian ini. Pada bagian tiga menjelaskan tentang hasil penelitian dan pembahasan dari penelitian yang telah dilakukan. Pada bagian empat membahas tentang kesimpulan dan saran.

2. Metode

Metode penelitian ini menggunakan metode kepustakaan atau studi literatur dengan langkah-langkah sebagai berikut.

1. Studi literatur yang berkaitan dengan penyakit rabies.
2. Membuat asumsi model penyebaran penyakit rabies pada manusia dengan model SEIQR.
3. Membuat model matematika berdasarkan asumsi.
4. Menyelesaikan analisis kestabilan dengan mencari titik kesetimbangan, melakukan linearisasi model dengan menggunakan matriks Jacobi, dan mengidentifikasi sifat kestabilan dari titik kesetimbangan yang diperoleh.
5. Membuat simulasi numerik dari model penyebaran penyakit rabies pada manusia dengan model SEIQR.
6. Menginterpretasikan hasil yang diperoleh.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Asumsi Model

Model yang digunakan dalam penyebaran Covid-19 adalah model SEIQR (*Susceptible, Exposed, Infected, Quarantine, Recovered*) yang dikembangkan dengan membagi populasi individu ke dalam enam kompartemen, yaitu individu rentan terkena penyakit tanpa menggunakan masker kesehatan (S_1), individu rentan terkena penyakit dengan menggunakan masker kesehatan (S_2), individu yang tertular penyakit tetapi belum dapat menularkan penyakit (E), individu yang terjangkit penyakit dan dapat menularkan penyakit (I), individu yang melakukan karantina (Q), dan individu yang telah sembuh (R). Adapun asumsi pembentukan model matematika dari penyebaran Covid-19 dengan model SEIQR adalah sebagai berikut.

1. Penyakit diasumsikan dapat menyebabkan kematian.
2. Virus yang menyebabkan penyakit Covid-19 adalah virus corona.
3. Populasi diasumsikan homogen, artinya setiap individu mempunyai peluang yang sama untuk melakukan kontak dengan individu lainnya.
4. Infeksi virus terjadi ketika individu rentan berinteraksi dengan individu yang terinfeksi baik secara langsung maupun tidak langsung.
5. Populasi diasumsikan tertutup, artinya tidak ada individu yang masuk ke dalam populasi atau keluar dari populasi (tidak ada migrasi). Total populasi diasumsikan konstan.
6. Tingkat kelahiran dan kematian alami diasumsikan sama sehingga total populasi selalu konstan.
7. Individu rentan tanpa menggunakan masker kesehatan (S_1) dapat berubah menjadi individu rentan dengan menggunakan masker kesehatan (S_2) jika menggunakan masker kesehatan.
8. Individu rentan dengan menggunakan masker kesehatan (S_2) tidak dapat tertular oleh virus dan akan tetap di kompartemen tersebut karena selalu menggunakan masker kesehatan, serta termasuk ke dalam kompartemen individu yang sembuh (R).
9. Individu terinfeksi (I) dapat sembuh secara alami dan dapat kembali ke S_1 jika berinteraksi dengan individu terinfeksi dalam kondisi tanpa menggunakan masker kesehatan, akibatnya ada perpindahan dari I ke S_1 .
10. Individu yang terinfeksi akan melakukan karantina.

11. Individu yang terinfeksi dan individu yang melakukan karantina di rumah atau di rumah sakit dapat sembuh dari penyakit.
12. Individu yang telah sembuh setelah melakukan karantina akan mempunyai kekebalan terhadap penyakit atau tidak akan kembali menjadi individu rentan dengan syarat harus memenuhi protokol kesehatan.

3.2 Variabel dan Parameter

Variabel dan parameter yang digunakan dalam model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina disajikan dalam Tabel 3.2.1 dan Tabel 3.2.2 berikut.

Tabel 3.2.1 Daftar Variabel Model Penyebaran Covid-19 dengan Penggunaan Masker Kesehatan dan Karantina

Variabel	Definisi	Satuan
$S_1(t)$	Jumlah individu rentan terinfeksi tanpa menggunakan masker kesehatan pada waktu ke-t.	Individu
$S_2(t)$	Jumlah individu rentan terinfeksi yang menggunakan masker kesehatan pada waktu ke-t.	Individu
E(t)	Jumlah individu laten pada waktu ke-t.	Individu
I(t)	Jumlah individu terinfeksi pada waktu ke-t.	Individu
Q(t)	Jumlah individu yang melakukan karantina atau isolasi pada waktu ke-t.	Individu
R(t)	Jumlah individu yang sembuh setelah terinfeksi penyakit dan kebal setelah di vaksinasi pada waktu ke-t.	Individu

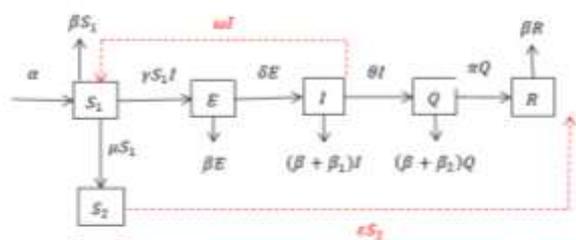
Tabel 3.2.2 Daftar Parameter Model Penyebaran Covid-19 dengan Penggunaan Masker Kesehatan dan Karantina

Parameter	Definisi	Satuan
α	Laju kelahiran alami populasi.	Perhari
β	Laju kematian alami populasi.	Perhari
γ	Laju perpindahan populasi dari S_1 ke E.	Perhari
μ	Laju perpindahan populasi dari S_1 ke S_2 .	Perhari
δ	Laju perpindahan populasi dari E ke I.	Perhari

θ	Laju perpindahan populasi dari I ke Q.	Perhari
π	Laju perpindahan populasi dari Q ke R.	Perhari
ω	Laju perpindahan populasi dari I ke S_1 .	Perhari
ε	Laju perpindahan populasi dari S_2 ke R.	Perhari
β_1	Laju kematian akibat penyakit dari I.	Perhari
β_2	Laju kematian akibat penyakit dari Q.	Perhari

3.3 Penyebaran Penyakit Covid-19

Secara skematis, proses penyebaran penyakit Covid-19 dengan karantina dan penggunaan masker kesehatan dalam suatu populasi dapat disajikan dalam diagram transfer pada Gambar 3.3.1 berikut.



Gambar 4.1 Diagram transfer kompartemen proses penularan Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina

Berdasarkan Gambar 4.1, populasi individu dibagi menjadi enam kompartemen, yaitu individu rentan tanpa menggunakan masker kesehatan (S_1), individu rentan menggunakan masker kesehatan (S_2), individu laten (E), individu terinfeksi dan dapat menularkan penyakit (I), individu yang melakukan karantina (Q), dan individu yang sembuh (R). Setiap individu yang lahir (α) masuk ke S_1 . Individu rentan yang tidak menggunakan masker kesehatan (S_1) masuk ke S_2 jika menggunakan masker kesehatan dengan laju sebesar μ . Individu rentan dengan menggunakan masker kesehatan akan masuk ke R jika selalu menerapkan protokol kesehatan dengan laju sebesar ε . Individu rentan tanpa menggunakan masker kesehatan (S_1) berpeluang terinfeksi oleh virus jika berinteraksi dengan individu terinfeksi (I) dan masuk ke E dengan laju sebesar γ . Individu laten (E) akan menjadi individu terinfeksi (I) dengan laju sebesar δ . Individu terinfeksi (I) akan melakukan karantina dengan laju sebesar θ . Individu terinfeksi (I) yang sembuh secara alami tanpa melakukan

karantina akan kembali ke S_1 jika berinteraksi dengan individu terinfeksi dalam kondisi tanpa menggunakan masker kesehatan dengan laju sebesar ω . Individu yang melakukan karantina akan sembuh dengan laju sebesar π . Individu terinfeksi (I) yang tidak sembuh akan meninggal karena penyakit dengan laju sebesar β_1 . Individu yang melakukan karantina tetapi tidak sembuh akan meninggal karena penyakit dengan laju sebesar β_2 . Pada setiap kelas terdapat kematian alami dengan laju sebesar β .

Faktor-faktor yang mempengaruhi perubahan jumlah individu di dalam populasi pada setiap kompartemen adalah sebagai berikut.

1. Perubahan S_1 terhadap waktu (t).

Kompartemen S_1 bertambah karena laju kelahiran alami dari populasi dengan laju sebesar α , individu terinfeksi yang kembali ke S_1 dengan laju perubahan sebesar ω . Kompartemen S_1 berkurang karena interaksi antara individu rentan tanpa menggunakan masker kesehatan dengan individu terinfeksi dengan laju sebesar γ , individu rentan tanpa menggunakan masker kesehatan masuk ke S_2 dengan laju sebesar μ , dan kematian alami dari populasi dengan laju sebesar β . Dengan demikian, diperoleh laju perubahan individu rentan tanpa menggunakan masker kesehatan terhadap waktu (t) adalah

$$\frac{dS_1}{dt} = \alpha + \omega I - (\gamma I + \mu + \beta)S_1$$

2. Perubahan S_2 terhadap waktu (t)

Kompartemen S_2 bertambah karena penggunaan masker kesehatan dari S_1 dengan laju sebesar μ . Kompartemen S_2 berkurang karena laju perubahan menjadi R sebesar ε dan kematian alami dari populasi dengan laju sebesar β . Dengan demikian, diperoleh laju perubahan individu rentan yang menggunakan masker kesehatan terhadap waktu (t) adalah

$$\frac{dS_2}{dt} = \mu S_1 - (\varepsilon + \beta)S_2$$

3. Perubahan E terhadap waktu (t)

Kompartemen E bertambah karena interaksi antara individu rentan tanpa menggunakan masker (S_1) dengan individu terinfeksi (I) dengan laju sebesar γ , dan berkurang karena perubahan individu laten yang masuk ke I dengan laju sebesar δ dan kematian alami populasi dengan laju sebesar β . Dengan demikian, diperoleh laju perubahan individu laten terhadap waktu (t) adalah

$$\frac{dE}{dt} = \gamma S_1 I - (\delta + \beta)E$$

4. Perubahan I terhadap waktu (t)

Kompartemen I bertambah karena perubahan individu laten yang masuk ke kompartemen I dengan laju sebesar δ , dan berkurang karena individu yang terinfeksi melakukan karantina dengan laju perpindahan sebesar θ , perubahan individu terinfeksi yang kembali ke S_1 dengan laju sebesar ω , kematian alami populasi dengan laju sebesar β , dan kematian karena penyakit individu terinfeksi dengan laju sebesar β_1 . Jadi, diperoleh laju perubahan individu terinfeksi terhadap waktu (t) adalah

$$\frac{dI}{dt} = \delta E - (\theta + \omega + \beta + \beta_1)I$$

5. Perubahan Q terhadap waktu (t)

Kompartemen Q bertambah karena individu yang terinfeksi melakukan karantina dengan laju sebesar θ . Kompartemen Q berkurang karena perubahan individu yang melakukan karantina yang menjadi individu sembuh dengan laju sebesar π , kematian alami populasi dengan laju sebesar β , dan kematian karena penyakit dengan laju sebesar β_2 . Dengan demikian, diperoleh laju perubahan individu yang melakukan karantina terhadap waktu (t) adalah

$$\frac{dQ}{dt} = \theta I - (\pi + \beta + \beta_2)Q$$

6. Perubahan R terhadap waktu (t)

Kompartemen R bertambah karena perubahan individu yang melakukan karantina yang menjadi individu sembuh dengan laju sebesar π dan masuknya individu rentan dengan menggunakan masker kesehatan dengan laju sebesar ε . Kompartemen R berkurang karena kematian alami populasi dengan laju sebesar β . Jadi, diperoleh laju perubahan individu yang sembuh terhadap waktu (t) adalah

$$\frac{dR}{dt} = \pi Q + \varepsilon S_2 - \beta R$$

Berdasarkan uraian di atas, maka selanjutnya dapat dibuat model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina adalah pada persamaan 3.3.1 berikut.

$$\frac{dS_1}{dt} = \alpha + \omega I - (\gamma I + \mu + \beta)S_1$$

$$\frac{dS_2}{dt} = \mu S_1 - (\varepsilon + \beta)S_2$$

$$\frac{dE}{dt} = \gamma S_1 I - (\delta + \beta)E$$

$$\frac{dI}{dt} = \delta E - (\theta + \omega + \beta + \beta_1)I$$

$$\frac{dQ}{dt} = \theta I - (\pi + \beta + \beta_2)Q$$

$$\frac{dR}{dt} = \pi Q + \varepsilon S_2 - \beta R$$

Sistem (3.3.1) merupakan sistem persamaan diferensial nonlinier orde satu yang mempresentasikan model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina. Selanjutnya akan ditentukan nilai titik ekuilibrium dari Sistem (3.3.1) dan nilai bilangan reproduksi dasar.

3.4 Titik Ekuilibrium dan Bilangan Reproduksi Dasar

Model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina berupa Sistem (3.3.1). Sistem (3.3.1) tersebut memiliki dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Berdasarkan definisi mengenai titik ekuilibrium, maka titik ekuilibrium untuk model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker dan karantina pada Sistem (3.3.1) diperoleh dengan menyelesaikan

$$\frac{dS_1}{dt} = \frac{dS_2}{dt} = \frac{dE}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dQ}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$$

Sehingga Sistem (3.3.1) dapat ditulis sebagai

$$\alpha + \omega I - (\gamma I + \mu + \beta)S_1 = 0 \quad (3.3.2)$$

$$\mu S_1 - (\varepsilon + \beta)S_2 = 0 \quad (3.3.3)$$

$$\gamma S_1 I - (\delta + \beta)E = 0 \quad (3.3.4)$$

$$\delta E - (\theta + \omega + \beta + \beta_1)I = 0 \quad (3.3.5)$$

$$\theta I - (\pi + \beta + \beta_2)Q = 0 \quad (3.3.6)$$

$$\pi Q + \varepsilon S_2 - \beta R = 0 \quad (3.3.7)$$

3.4.1 Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit (E_0)

Titik ekuilibrium bebas penyakit adalah titik ekuilibrium yang diperoleh pada saat tidak ada penyakit dalam populasi. Agar memenuhi titik ekuilibrium bebas penyakit, maka tidak ada satupun individu yang terinfeksi, sehingga $I = 0$. Substitusi $I = 0$ ke Persamaan (3.3.2) sampai dengan Persamaan (3.3.6). Maka diperoleh

$$E_0 = (S_1, S_2, E, I, Q, R) \\ = \left(\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\mu S_1}{(\varepsilon + \beta)}, 0, 0, 0, \frac{\varepsilon(\mu S_1)}{\beta(\varepsilon + \beta)} \right)$$

3.4.2 Titik Ekuilibrium Endemik (E_1)

Titik ekuilibrium endemik merupakan titik ekuilibrium pada saat kelas terinfeksi lebih besar dari nol atau saat penyakit menyebar dalam populasi. Titik ekuilibrium endemik artinya di dalam populasi selalu terdapat individu yang terinfeksi penyakit,

sehingga diperoleh I pada titik ekuilibrium endemik penyakit, $I^* > 0$. Maka diperoleh

$$S_1^* = \frac{\alpha + \omega I}{\gamma I + \mu + \beta}$$

$$S_2^* = \frac{\mu(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\varepsilon + \beta)}$$

$$E^* = \frac{\gamma I(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\delta + \beta)}$$

$$I^* = -\frac{1}{x_4} x_5$$

$$Q^* = \frac{\theta \gamma I(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\delta + \beta)(\theta + \omega + \beta + \beta_1)(\pi + \beta + \beta_2)}$$

$$R^* = \frac{\pi Q(\gamma I + \mu + \beta)(\varepsilon + \beta) + \varepsilon \mu(\alpha + \omega I)}{\beta(\gamma I + \mu + \beta)(\varepsilon + \beta)}$$

dengan $x_4 = \gamma(\beta^2 + \omega\beta + \theta\delta + \theta\beta + \beta\delta + \beta_1\delta + \beta_1\beta)$ dan $x_5 = -\delta\gamma\alpha + \omega\mu\delta + \omega\mu\beta + \omega\beta\delta + \theta\mu\delta + \theta\mu\beta + \theta\beta\delta + \beta\mu\delta + \beta_1\mu\delta + \beta_1\mu\beta + \beta_1\beta\delta + \omega\beta^2 + \theta\beta^2 + \mu\beta^2 + \delta\beta^2 + \beta_1\beta^2 + \beta^3$.

3.4.3 Bilangan Reproduksi Dasar

Selanjutnya, akan ditentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari Sistem (3.3.1) dengan mencari nilai eigen maksimum yang diperoleh dari matriks generasi selanjutnya (*next generation matrix*). Matriks generasi selanjutnya dapat diperoleh dari model persamaan subsistem terinfeksi. Sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar sebagai berikut.

$$R_0 = \frac{\delta\alpha\gamma}{(\delta + \beta)(\theta + \omega + \beta + \beta_1)}$$

3.5 Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium

Analisis kestabilan titik ekuilibrium Sistem (3.3.1) dilakukan dengan terlebih dahulu membentuk Matriks Jacobian, kemudian menentukan nilai eigen dari matriks tersebut melalui proses linearisasi di sekitar titik ekuilibrium. Adapun Sistem (3.3.1) yang akan dilinearisasi adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} f_1(S_1, S_2, E, I, Q, R) &= \alpha + \omega I - (\gamma I + \mu + \beta)S_1 \\ f_2(S_1, S_2, E, I, Q, R) &= \mu S_1 - (\varepsilon + \beta)S_2 \\ f_3(S_1, S_2, E, I, Q, R) &= \gamma S_1 I - (\delta + \beta)E \\ f_4(S_1, S_2, E, I, Q, R) &= \delta E - (\theta + \omega + \beta + \beta_1)I \\ f_5(S_1, S_2, E, I, Q, R) &= \theta I - (\pi + \beta + \beta_2)Q \\ f_6(S_1, S_2, E, I, Q, R) &= \pi Q + \varepsilon S_2 - \beta R \end{aligned}$$

Untuk memperoleh hampiran linear dari Sistem (3.5.1), maka digunakan ekspansi Deret Taylor di sekitar titik ekuilibriumnya. Dengan demikian, hampiran linear dari Sistem (3.5.1) dapat dituliskan dengan

$$\frac{\partial f(S_1, S_2, E, I, Q, R)}{\partial t} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S_1} & \frac{\partial f_1}{\partial S_2} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial Q} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S_1} & \frac{\partial f_2}{\partial S_2} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial Q} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S_1} & \frac{\partial f_3}{\partial S_2} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial Q} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S_1} & \frac{\partial f_4}{\partial S_2} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial Q} & \frac{\partial f_4}{\partial R} \\ \frac{\partial f_5}{\partial S_1} & \frac{\partial f_5}{\partial S_2} & \frac{\partial f_5}{\partial E} & \frac{\partial f_5}{\partial I} & \frac{\partial f_5}{\partial Q} & \frac{\partial f_5}{\partial R} \\ \frac{\partial f_6}{\partial S_1} & \frac{\partial f_6}{\partial S_2} & \frac{\partial f_6}{\partial E} & \frac{\partial f_6}{\partial I} & \frac{\partial f_6}{\partial Q} & \frac{\partial f_6}{\partial R} \end{bmatrix}$$

Sehingga, diperoleh Matriks Jacobian untuk

Sistem (4.5.1) adalah

$$J_{(S_1, S_2, E, I, Q, R)} = \begin{bmatrix} -x_3 & 0 & 0 & \omega - \gamma S_1 & 0 & 0 \\ \mu & -(\varepsilon + \beta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \gamma I & 0 & -(\delta + \beta) & \gamma S_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -x_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \theta & -(\beta + \beta_2) & 0 \\ 0 & \varepsilon & 0 & 0 & \pi & -\beta \end{bmatrix}$$

dengan $x_1 = \theta + \omega + \beta + \beta_1$ dan $x_3 = \gamma I + \mu + \beta$.

3.5.1 Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit (E_0)

Misalkan $E_0 = (S_1, S_2, E, I, Q, R)$ adalah titik ekuilibrium bebas penyakit dari Sistem (4.3.1). Matriks Jacobian hasil linearisasi model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina di sekitar titik ekuilibrium

$E_0 = (S_1, S_2, E, I, Q, R) = \left(\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\mu S_1}{\varepsilon + \beta}, 0, 0, 0, \frac{\varepsilon(\mu S_1)}{\beta(\varepsilon + \beta)}\right)$ adalah

$$J_{(E_0)} = \begin{bmatrix} -(\mu + \beta) & 0 & 0 & \omega - \gamma S_1 & 0 & 0 \\ \mu & -(\varepsilon + \beta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(\delta + \beta) & \gamma S_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -(\theta + \omega + \beta + \beta_1) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \theta & -(\beta + \beta_2) & 0 \\ 0 & \varepsilon & 0 & 0 & \pi & -\beta \end{bmatrix}$$

Nilai eigen dari Matriks Jacobian $J_{(E_0)}$ diperoleh dengan menyelesaikan persamaan $\det|\lambda I - J_{(E_0)}| = 0$. Perhatikan uraian berikut.

$$\det|\lambda I - J_{(E_0)}| = 0$$

$$\det \begin{bmatrix} \lambda + (\mu + \beta) & 0 & 0 & -\omega + \gamma S_1 & 0 & 0 \\ -\mu & \lambda + (\varepsilon + \beta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda + (\delta + \beta) & -\gamma S_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta & \lambda + x_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\theta & \lambda + (\beta + \beta_2) & 0 \\ 0 & -\varepsilon & 0 & 0 & -\pi & \lambda + \beta \end{bmatrix} = 0$$

$$(\lambda + \mu + \beta)(\lambda + \varepsilon + \beta)(\lambda^4 + \delta\lambda\beta_2 - \delta\gamma S_1\beta^2 - \delta\gamma S_1\lambda^2 + 2\lambda^2\beta_2 + \lambda\beta^2\beta_2 + 2\delta\lambda^2\beta + \delta\lambda\beta^2 + \delta\lambda^2\beta_2 + 3\lambda^3\beta + 3\lambda^2\beta^2 + \lambda^3\beta_2 + \lambda\beta^3 - 2\delta\gamma S_1\lambda\beta - \delta\gamma S_1\lambda\beta_2 - \delta\gamma S_1\lambda\beta_2\beta + 2\lambda x_1\beta_2\beta + 2\delta\lambda x_1\beta - \delta\lambda x_1\beta_2 + \delta x_1\beta_2\beta + 3\lambda^2 x_1\beta + 3\lambda x_1\beta^2 + \lambda^2 x_1\beta_2 + \delta x_1\lambda^2 + \delta x_1\beta^2 + \beta^2 x_1\beta_2 + \delta\lambda^3 + \lambda^3 x_1 + x_1\beta^3) = 0$$

dengan $x_1 = \theta + \omega + \beta + \beta_1$.

Sehingga diperoleh nilai eigen dari matriks $J_{(E_0)}$ berturut-turut adalah $\lambda_1 = -\mu - \beta$, $\lambda_2 = -\varepsilon - \beta$, $\lambda_3 = -\beta$, $\lambda_4 = -\beta - \beta_2$, $\lambda_5 = \frac{1}{2}\beta + \lambda + \frac{1}{2}\delta + \frac{1}{2}(\theta + \omega + \beta + \beta_1) + \frac{1}{2}\sqrt{x_6}$, dan $\lambda_6 = \frac{1}{2}\beta + \lambda + \frac{1}{2}\delta + \frac{1}{2}(\theta + \omega + \beta + \beta_1) - \frac{1}{2}\sqrt{x_6}$, dengan $x_6 = \beta^2 + 2\delta\beta - 2\beta x_1 + \delta^2 - 2\delta x_1 + x_1^2 + 4\delta\gamma S_1$ dan $x_1 = \theta + \omega + \beta + \beta_1$.

Karena nilai parameter β , β_1 , β_2 , γ , δ , ε , θ , μ , dan ω berturut-turut besar dari nol, maka nilai eigen $\lambda_{1,2,3,4}$ bernilai negatif sedangkan $\lambda_{5,6}$ bernilai positif. Jadi, sifat kestabilan dari nilai-nilai eigen tersebut adalah tidak stabil asimtotik lokal.

3.5.2 Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium Endemik (E_1)

Misalkan $E_1 = (S_1^*, S_2^*, E^*, I^*, Q^*, R^*)$ adalah titik ekuilibrium endemik dari Sistem (4.3.1). Matriks Jacobian hasil linearisasi model penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina di sekitar titik ekuilibrium endemik dapat dituliskan dengan

$$J_{(E_1)} = \begin{bmatrix} -x_3 & 0 & 0 & \omega - \gamma S_1 & 0 & 0 \\ \mu & -(\varepsilon + \beta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \gamma I & 0 & -(\delta + \beta) & \gamma S_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -x_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \theta & -(\beta + \beta_2) & 0 \\ 0 & \varepsilon & 0 & 0 & \pi & -\beta \end{bmatrix}$$

dengan $x_1 = \theta + \omega + \beta + \beta_1$ dan $x_3 = \gamma I + \mu + \beta$. Nilai eigen dari Matriks Jacobian $J_{(E_1)}$ diperoleh dengan menyelesaikan persamaan $|\lambda I - J_{(E_1)}| = 0$.

3.6 Simulasi Model

Simulasi dilakukan untuk melihat kestabilan titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Simulasi menggunakan bantuan Maple 2013 dengan parameter-parameter yang digunakan diperoleh asumsi penulis, serta asumsi terkait penyakit Covid-19.

3.6.1 Nilai-Nilai Parameter

Adapun nilai-nilai parameter yang digunakan dalam penelitian ini disajikan dalam tabel berikut.

Tabel 3.6.1 Nilai-nilai Parameter Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit Sistem (4.3.1)

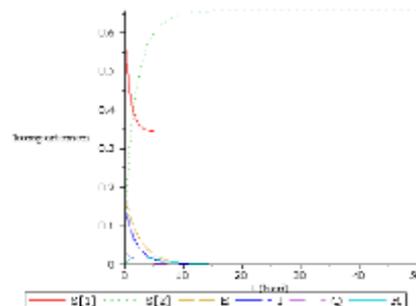
Parameter	Definisi	Nilai
α	Laju kelahiran alami populasi.	$\frac{10.000}{75 \times 365}$
β	Laju kematian alami populasi	$\frac{10.000}{75 \times 365}$
γ	Laju perubahan populasi dari S_1 ke E.	0.2
μ	Laju perubahan populasi dari S_1 ke S_2 .	0.7
ε	Laju perubahan populasi dari S_2 ke R.	0
δ	Laju perubahan populasi dari E ke I.	$\frac{1}{14}$
θ	Laju perubahan populasi dari I ke Q.	$\frac{1}{7}$
π	Laju perubahan populasi dari Q ke R.	0.8
ω	Laju perubahan populasi dari I ke S_1 .	$0.1 S_1^*$

β_1	Laju kematian akibat penyakit di I.	0
β_2	Laju kematian akibat penyakit di Q.	0
N	Total populasi	10000

3.6.2 Perhitungan Numerik dan Simulasi

Berdasarkan nilai-nilai parameter pada Tabel 3.6.1 maka diperoleh bilangan reproduksi dasar dari Sistem (3.3.1) adalah $R_0 = 0.01964834053$. Karena $R_0 < 1$, maka penyakit tidak akan menyebar, dengan kata lain untuk jangka waktu tertentu populasi akan bebas dari penyakit. Titik ekuilibrium bebas penyakit adalah $E_0 = (S_1, S_2, E, I, Q, R) = (1, 1.91625, 0, 0, 0, 0)$. Hasil simulasi dari $\lambda_{1,2,3,4}$ bernilai negatif dan $\lambda_{5,6}$ bernilai positif. Sehingga, titik ekuilibrium bebas penyakit akan bersifat tidak stabil asimtotik lokal.

Hasil simulasi numerik titik ekuilibrium bebas penyakit E_0 menggunakan program Maple 2013 dari parameter pada Tabel 4.6.1 dan dengan sebarang nilai awal yaitu $S_1(0) = 0.58$, $E(0) = 0.17$, $I(0) = 0.15$, $S_2(0) = 0.06$, $R(0) = 0.00001152186069$, dan $Q(0) = 0.03$ ditampilkan dalam Gambar 3.6.1 berikut.



Jumlah populasi untuk penyebaran penyakit Covid-19 dengan penggunaan masker kesehatan dan karantina dari masing-masing kompartemen akan stabil pada saat yang bersamaan di titik ekuilibrium bebas penyakit setelah hari ke-50 dengan jumlah populasi rentan tanpa menggunakan masker kesehatan sebesar

$$\begin{aligned} S &= s \times N \\ &= (0.343) \times (10.000) \\ &= 3430 \text{ individu.} \end{aligned}$$

Selanjutnya akan dilakukan simulasi numerik untuk $R_0 > 1$. Jika nilai parameter γ dan δ bersama-sama diperbesar dari nilai sebelumnya menjadi 2.5 dan 0.5, dan nilai untuk parameter μ dan ω diperkecil dari nilai sebelumnya menjadi 0.3 dan 0.0 maka akan diperoleh $R_0 = 1.038473653$. Karena $R_0 > 1$ maka penyakit akan menyebar sehingga terjadi endemik.

$$= \frac{\alpha + \omega I}{\gamma I + \mu + \beta} = 0.3517631885$$

$$S_2^* = \frac{\mu(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\varepsilon + \beta)} = 0.2888855184$$

$$E^* = \frac{\gamma I(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\delta + \beta)} = 0.1517050312$$

$$I^* = -\frac{1}{x_4} x_5 = 0.1492707400$$

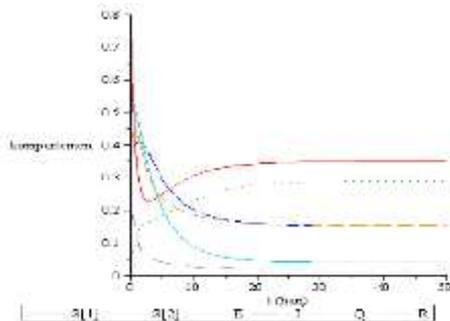
$$Q^* = \frac{\theta \gamma I(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\delta + \beta) x_1 x_2} = 0.03659907305$$

$$R^* = \frac{\pi Q(\gamma I + \mu + \beta) + \varepsilon \mu(\alpha + \omega I)}{\beta(\gamma I + \mu + \beta)(\varepsilon + \beta)} = 0.0801519699$$

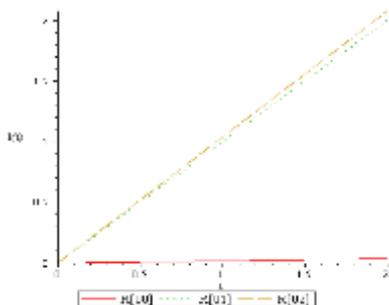
dengan $x_1 = \theta + \omega + \beta + \beta_1$, $x_2 = \pi + \beta + \beta_2$, $x_4 = \gamma(\beta^2 + \omega\beta + \theta\delta + \theta\beta + \beta\delta + \beta_1\delta + \beta_1\beta)$, dan $x_5 = -\delta\gamma\alpha + \omega\mu\delta + \omega\mu\beta + \omega\beta\delta + \theta\mu\delta + \theta\mu\beta + \theta\beta\delta + \beta\mu\delta + \beta_1\mu\delta + \beta_1\mu\beta + \beta_1\beta\delta + \omega\beta^2 + \theta\beta^2 + \mu\beta^2 + \delta\beta^2 + \beta_1\beta^2 + \beta^3$.

Sehingga, diperoleh nilai titik ekuilibrium endemik Sistem (3.3.1) adalah $E_1 = (S_1, S_2, E, I, Q, R) = (0.3517631885, 0.2888855184, 0.1517050312, 0.1492707400, 0.03659907305, 0.0801519699)$.

Hasil simulasi numerik titik ekuilibrium endemik E_1 dengan menggunakan program Maple 2013 dari parameter pada Tabel 3.6.2 dan dengan sebarang nilai awal yaitu $S_1(0) = 0.8$, $S_2(0) = 0$, $E(0) = 0.3$, $I(0) = 0.4$, $R(0) = 0.542701127$, dan $Q(0) = 0.26$ ditampilkan oleh Gambar 3.6.2 berikut.



Berdasarkan uraian di atas, dapat dibuat grafik hubungan nilai bilangan reproduksi dasar (R_0), yaitu $R_0 < 1$, $R_0 = 1$, dan $R_0 > 1$ yang dapat dilihat pada Gambar 3.6.3 berikut. Perhatikan bahwa $R[00]$ untuk $R_0 < 1$, $R[01]$ untuk $R_0 = 1$, dan $R[02]$ untuk $R_0 > 1$.



Dari Gambar 3.6.3, nilai bilangan reproduksi dasar (R_0) semakin lama semakin meningkat menuju

titik yang paling tinggi. Hal ini diakibatkan oleh kompartemen populasi individu terinfeksi semakin besar, sehingga nilai bilangan reproduksi dasar (R_0) menjadi maksimum. Dari Gambar 3.6.3, jelas bahwa syarat agar tidak terjadi endemik adalah $R_0 < 1$.

4. Penutup

4.1 Kesimpulan

Dari hasil penelitian pada bab sebelumnya maka diperoleh kesimpulan sebagai berikut.

1. Diperoleh model SEIQR dengan membagi populasi individu ke dalam enam kompartemen, yaitu: (S_1) yaitu individu yang rentan terkena penyakit tanpa menggunakan masker kesehatan, (S_2) yaitu individu yang rentan terkena penyakit dengan menggunakan masker kesehatan, (E) yaitu individu yang tertular penyakit tetapi belum dapat menularkan penyakit, (I) yaitu individu yang terjangkit penyakit dan dapat menularkan penyakit, (Q) yaitu individu yang melakukan karantina atau isolasi, dan *Recovered* (R) yaitu individu yang telah sembuh dari penyakit dan individu yang kebal setelah dikarantina atau diisolasi adalah sebagai berikut.

$$\frac{dS_1}{dt} = \alpha + \omega I - (\gamma I + \mu + \beta)S_1$$

$$\frac{dS_2}{dt} = \mu S_1 - (\varepsilon + \beta)S_2$$

$$\frac{dE}{dt} = \gamma S_1 I - (\delta + \beta)E$$

$$\frac{dI}{dt} = \delta E - (\theta + \omega + \beta + \beta_1)I$$

$$\frac{dQ}{dt} = \theta I - (\pi + \beta + \beta_2)Q$$

$$\frac{dR}{dt} = \pi Q + \varepsilon S_2 - \beta R$$

2. Terdapat dua titik kesetimbangan yang diperoleh dari model SEIQR penyebaran penyakit Covid-19 adalah sebagai berikut.

- a. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit
 $E_0 = (S_1, S_2, E, I, Q, R) = \left(\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\mu S_1}{\varepsilon + \beta}, 0, 0, 0, \frac{\varepsilon(\mu S_1)}{\beta(\varepsilon + \beta)} \right)$
- b. Titik Kesetimbangan Endemik

$$S_1 = \frac{\alpha + \omega I}{\gamma I + \mu + \beta}$$

$$S_2 = \frac{\mu(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\varepsilon + \beta)}$$

$$E^* = \frac{\gamma I(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\delta + \beta)}$$

$$I^* = -\frac{1}{x_4} x_5$$

$$Q^* = \frac{\theta \gamma I(\alpha + \omega I)}{(\gamma I + \mu + \beta)(\delta + \beta)(\theta + \omega + \beta + \beta_1)(\pi + \beta + \beta_2)}$$

$$R^* = \frac{\pi Q(\gamma I + \mu + \beta)(\epsilon + \beta) + \epsilon \mu(\alpha + \omega I)}{\beta(\gamma I + \mu + \beta)(\epsilon + \beta)}$$

4.2 Saran

Penelitian ini menganalisis model matematika penyebaran penyakit Covid-19 dengan model SEIQR. Model ini masih dapat dikembangkan lagi dengan menambahkan asumsi individu yang melakukan vaksinasi, serta menambahkan asumsi individu yang sudah sembuh dapat kembali menjadi individu rentan.

Ucapan Terimakasih

Saya ucapkan terimakasih kepada pembimbing dan pihak-pihak yang telah memberikan saran dan dukungan dalam penyusunan Tugas Akhir ini.

Daftar pustaka

- [1] Azizah. M., Manaqib. M., Hartati, E. S., Pratiwi. S., Maulana, A. R. 2021. Model Matematika Penyebaran Penyakit COVID-19 dengan *Lockdown* dan Karantina. *Barekeng: Jurnal Ilmu Matematika dan Terapan*. 5(6). 479-492.
- [2] G.O. Fosu, J.M. Opong, dan J. Appati. 2020. *Construction of Compartmental Models for Covid-19 with Quarantine, Lockdown and Vaccine Interventions*. *Electronic Journal*.
- [3] Maysaroh, A., Budi Waluya, S., & Wuryanto. (2019). Analisis dan Simulasi Model Matematika Penyakit Zika dengan Satu Serotipe Virus Zika. *UNNES Journal of Mathematics*. 8(1), 56–71.
- [4] Resmawan, Nuha, R., A. Yahya, L. 2021. Analisis Dinamika Model Transmisi COVID-19 dengan Melibatkan Intervensi Karantina. *Jambura Journal of Mathematics*. Vol. 3, No. 1. (66-79).