

MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN COVID-19 DENGAN PENGARUH PENGobatan**Saskia Elisa Ramadhani**

Jurusan Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : saskia.17030214016@mhs.unesa.ac.id**Abstrak**

Pada akhir 2019 di kota Wuhan China, muncul sebuah virus baru yaitu virus COVID-19 yang disebabkan oleh SARS-CoV-2. Hingga saat ini belum ada vaksin atau antivirus yang aman dan efektif untuk digunakan melawan pandemi yang telah menyebar di negara-negara di belahan dunia. Upaya yang dapat dilakukan oleh pemerintah Indonesia salah satunya dengan memberikan pengobatan kepada individu yang terinfeksi virus COVID-19. Berdasarkan masalah tersebut salah satu solusi dari permasalahan tersebut yaitu diselesaikan dengan model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan. Dalam penelitian ini metodologi yang digunakan yaitu diantaranya mengkonstruksi model matematika, menentukan titik kesetimbangan, melakukan analisis kestabilan, dan melakukan simulasi numerik model menggunakan Matlab R2020a. Dari analisis model yang dilakukan diperoleh dua titik kesetimbangan yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik. Dari simulasi model yang dilakukan hasil menunjukkan bilangan reproduksi dasar (R_0) > 1 maka masih terjadi pandemi. Tetapi bilangan reproduksi dasar (R_0) menjadi kurang dari satu yang artinya populasi bebas dari penyakit dalam jangka waktu tertentu jika menambah nilai parameter η (laju pengobatan).

Kata kunci: COVID-19, pengobatan, bilangan reproduksi dasar**Abstract**

At the end of 2019, in the Chinese city of Wuhan appeared a new virus called COVID-19. The COVID-19 virus caused by SARS-CoV-2. Until now, there is no safe and effective vaccine or antiviral to be used against the pandemic that has spread in countries around the world. One of the efforts that can be made by the Indonesian government is providing treatment to individuals infected with the COVID-19 virus. Based on this problem, one of the solutions to this problem is solved with a mathematical model of the spread of COVID-19 with the effect of treatment. The methodology that used in this research, includes constructing a mathematical model, determining the point of equilibrium, performing stability analysis, and performing numerical model simulations using Matlab R2020a. From the model analysis carried out, it was obtained two equilibrium points, namely the disease-free equilibrium point and the endemic equilibrium point. From the model simulation, the results show the basic reproduction number (R_0) > 1 , then a pandemic is still happening. But the basic reproduction number (R_0) becomes less than one, which means that the population is free from disease for a certain period of time if the value of the parameter η (treatment rate) is added.

Keywords : COVID-19; medication; basic reproduction number**1. PENDAHULUAN**

Pada akhir 2019 di kota Wuhan China, muncul sebuah virus baru yang disebabkan oleh SARS-CoV-2 yaitu virus COVID-19. Pandemi ini dengan cepat telah menyebar ke lebih dari 210 negara dan terus menimbulkan beban sosial ekonomi serta gangguan kesehatan masyarakat di banyak belahan dunia. Hingga 18 Mei 2020, telah diperhotungkan lebih dari 4.7 juta kasus yang dikonfirmasi dan sekitar 315.000 kasus kematian secara global (World Health Organization). Hingga saat ini belum ditemukan vaksin atau antivirus yang aman dan efektif untuk digunakan melawan pandemi yang telah menyebar pada manusia.

Virus ini dapat menyebar terutama diantara orang-orang yang telah melakukan kontak dekat. Virus menyebar melalui tetesan kecil yang dihasilkan oleh batuk, bersin, dan berbicara (WHO, 2020). Tetesan tersebut biasanya jatuh ke tanah atau menempel di suatu permukaan (World Health Organization, 2020). Seseorang yang menyentuh permukaan yang terkontaminasi dan kemudian menyentuh wajah mereka, dapat terinfeksi oleh virus. (World Health Organization). Virus ini menular selama tiga hari pertama setelah timbulnya gejala, meskipun penyebarannya mungkin terjadi sebelum gejala muncul, dan dari orang yang tidak menunjukkan gejala.

Pandemi COVID-19 telah menyebar ke Indonesia pada 2 Maret 2020 dengan kasus pertama yang dikonfirmasi (WHO, 2020). dua orang yang terinfeksi merupakan warga dari Pulau Jawa. Pada 9 November 2020, 444,348 kasus terkonfirmasi positif (World Health Organization, 2020).

Pada penelitian sebelumnya banyak membahas tentang model matematika penyebaran COVID-19, seperti penelitian yang dilakukan oleh Ivvara dkk (2020) mengkonstruksi model matematika penyebaran penyakit COVID-19 dengan model SEIHRD yang membahas adanya kasus terinfeksi yang tidak terdeteksi dan kasus terinfeksi yang dirawat di rumah sakit. Setelah pandemi COVID-19 menyebar di Indonesia, Suwardi Annas dkk (2020) mengembangkan model SEIR untuk penyebaran COVID-19 dengan faktor vaksinasi dan isolasi. Data yang digunakan untuk simulasi numeriknya menggunakan data jumlah kasus COVID-19 di Indonesia. Penelitian selanjutnya dilakukan oleh (Dipo Aldila dkk, 2020) yang membahas pengendalian penyebaran COVID-19 dengan pengaruh rapid tes dan social distancing di kota Jakarta, Indonesia. Model pada artikel ini dimodifikasi dengan mempertimbangkan kompartemen kasus individu terinfeksi tanpa gejala. Kemudian, model SEI_1I_2RS dikembangkan oleh (Sasmitha dkk, 2020) dengan lima strategi untuk mengendalikan penyebaran COVID-19, yaitu : pemakaian masker wajah, pengobatan, pengujian massal, contact tracing dan pembatasan sosial dalam skala besar.

Hingga saat ini belum ada vaksin atau antivirus yang aman dan efektif untuk digunakan melawan pandemic COVID-19 yang telah menyebar di Indonesia. Upaya yang dapat dilakukan oleh pemerintah Indonesia salah satunya dengan memberikan pengobatan kepada individu yang terinfeksi virus COVID-19. Berdasarkan masalah tersebut salah satu solusi dari permasalahan tersebut yaitu diselesaikan dengan model matematika dan diaplikasikan ke permasalahan nyata. Pada artikel ini akan dibentuk model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan. Tujuan dari artikel ini adalah untuk mengkonstruksi dan menganalisis model matematika dengan pengaruh pengobatan terhadap penyebaran COVID-19. Pada artikel ini menggunakan model SIR yg dimodifikasi dengan mempertimbangkan kasus terinfeksi terdeteksi dan kasus terinfeksi tak terdeteksi. Dari model matematika tersebut ditentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik serta menentukan bilangan reproduksi dasar dari model untuk mengetahui terjadi endemik atau tidak. Kemudian simulasi model, menggunakan data kejadian COVID-19 untuk estimasi nilai parameter.

2. KAJIAN TEORI

2.1 Sistem Persamaan Diferensial

Sistem persamaan diferensial yang dapat dituliskan dalam bentuk :

$$\begin{aligned} y_1' &= a_{11}(t)y_1 + a_{12}(t)y_2 + \dots + a_{1n}(t)y_n + f_1(t) \\ y_2' &= a_{21}(t)y_1 + a_{22}(t)y_2 + \dots + a_{2n}(t)y_n + f_2(t) \\ &\vdots \\ y_n' &= a_{n1}(t)y_1 + a_{n2}(t)y_2 + \dots + a_{nn}(t)y_n + f_n(t) \end{aligned} \quad (2.1)$$

Sistem liner (2.1) dapat ditulis dalam bentuk matriks sebagai

$$y_n' = A_{nn}(t)y_n + f_n(t)$$

atau lebih singkatnya sebagai

$$y' = A(t)y + f(t), \quad (2.2)$$

dimana

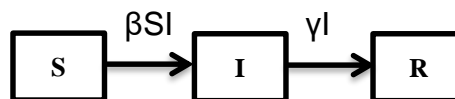
$$y = y_n, A(t) = A_{nn}, \text{ dan } f(t) = f_n.$$

kita menyebut A sebagai matriks koefisien (2.2) dan f sebagai fungsi. A dan f kontinu jika entri-entrinya kontinu. Jika $f = 0$, maka (2.2) homogen; jika tidak (2.2) tidak homogen.

2.2 Model SIR

Model SIR adalah salah satu model kompartemen yang paling sederhana, dan banyak model yang merupakan turunan dari bentuk dasar ini. Model terdiri dari tiga kompartemen yaitu :: *Susceptible* $S(t)$, *Infected* $I(t)$, dan *Recovered* $R(t)$ (Petard, 1938).

Diagram alur penyebaran penyakit dengan model SIR :



Gambar 1 Diagram kompartemen model SIR

Berdasarkan diagram tersebut, diperoleh sistem persamaan sebagai berikut :

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

dimana:

$S(t)$ = kelas individu rentan terhadap penyakit pada populasi.

$I(t)$ = kelas individu dari populasi yang terinfeksi penyakit.

$R(t)$ = kelas individu populasi yang telah terinfeksi dan kemudian pulih.

2.3 Titik Ekuilibrium

Titik $\bar{x} \in R^n$ adalah titik ekuilibrium atau titik kesetimbangan untuk persamaan diferensial

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x)$$

jika $f(t, \bar{x}) = 0$ untuk semua t .

Demikian pula, titik $\bar{x} \in R^n$ merupakan titik ekuilibrium untuk persamaan diferensial

$$x_{k+1} = f(k, x_k)$$

jika $f(k, \bar{x}) = \bar{x}$ untuk $k = 0, 1, 2, \dots$

2.4 Teori Kestabilan

Misalkan dinyatakan suatu sistem sebagai berikut :

$$\dot{y} = f(y), y \in R^n$$

Matriks Jacobi digunakan untuk menentukan analisis kestabilan sistem persamaan diferensial melalui pelinearan.

Definisi 4.1

Diberikan suatu fungsi $f = (f_1, \dots, f_n)$ pada sistem

$\dot{y} = f(y)$ dengan $f_i \in K(E), i = 1, 2, \dots, n$. Matriks

$$J_F(\bar{y}) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial y_1}(\bar{y}) & \frac{\partial f_1}{\partial y_2}(\bar{y}) & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial y_n}(\bar{y}) \\ \frac{\partial f_2}{\partial y_1}(\bar{y}) & \frac{\partial f_2}{\partial y_2}(\bar{y}) & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial y_n}(\bar{y}) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial y_1}(\bar{y}) & \frac{\partial f_n}{\partial y_2}(\bar{y}) & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial y_n}(\bar{y}) \end{pmatrix}$$

disebut matriks jacobian dari f di titik \bar{y} (Hole dan kočak, 1991).

Mencari nilai eigen untuk menentukan kestabilan titik kesetimbangan. Nilai eigen diperoleh dari sebuah matriks $J_F(\bar{y})$ dengan mencari persamaan karakteristik dari $\det(A - \lambda I) = 0$. (Anton, 1992).

Sifat kestabilan berdasarkan nilai eigen menurut (Olsder dan Woude, 1994) :

- 1) Stabil, jika semua nilai eigen dari matriks $J_F(\bar{y})$ bernilai negatif.
- 2) Tidak stabil, jika terdapat paling sedikit satu nilai eigen matriks $J_F(\bar{x})$ yang bernilai positif.

2.5 Kriteria Routh Hurwitz

Nilai eigen suatu matriks Jacobi di titik kesetimbangan dapat ditentukan menggunakan kriteria Routh Hurwitz.

Misalkan $x_0, x_2, x_3, \dots, x_k \in R$ merupakan nilai eigen dari persamaan karakteristik

$$p(\lambda) = x_0 \lambda^k + x_1 \lambda^{k-1} + \dots + x_{k-1} \lambda + a_k = 0$$

memiliki bagian real yang bernilai negatif jika dan hanya jika determinan dari matriks

$$M_j = \begin{pmatrix} x_1 & x_3 & \dots & x_{2i-1} \\ x_0 & x_2 & \dots & x_{2i-2} \\ 0 & 0 & \dots & x_i \end{pmatrix}$$

dengan $i = 1, 2, 3, \dots, k > 0$, dimana $x_j > 0$, jika $j > k$ (Fisher, 1990).

Dengan demikian, jika $M_j > 0$ untuk setiap $i = 1, 2, 3, \dots, k$ maka titik kesetimbangan dari suatu persamaan stabil.

2.6 Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah skala potensi penyebaran penyakit dalam suatu populasi (Manaqib & Fauziah, 2019). Bilangan reproduksi dasar ditentukan

untuk melihat terjadi endemik atau tidak di suatu wilayah. Kondisi yang akan terjadi yaitu salah satu diantara kemungkinan berikut :

- 1) Kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik dan kesetimbangan endemik bersifat tidak stabil, jika nilai $R_0 < 1$.
- 2) Kesetimbangan endemik bersifat stabil asimtotik dan kesetimbangan bebas penyakit bersifat tidak stabil, jika nilai $R_0 > 1$.

3. METODE

Penelitian ini menggunakan metode studi literatur yang mengkaji konsep dan teori dari berbagai literatur berupa artikel referensi, jurnal referensi dan buku yang sesuai dengan penelitian ini. Langkah yang akan dilakukan dalam pembahasan masalah pada penelitian ini yaitu yang pertama studi literatur, kemudian mengkonstruksi model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan. Selanjutnya, menentukan titik kesetimbangan dari sistem persamaan pada model dan melakukan analisis kestabilan dari sistem pada model yang terakhir yaitu melakukan simulasi numerik pada model untuk melihat kesesuaian hasil analisis dengan hasil simulasi numerik dan menyimpulkan hasil analisis dan simulasi numeric model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan .

4. PEMBAHASAN

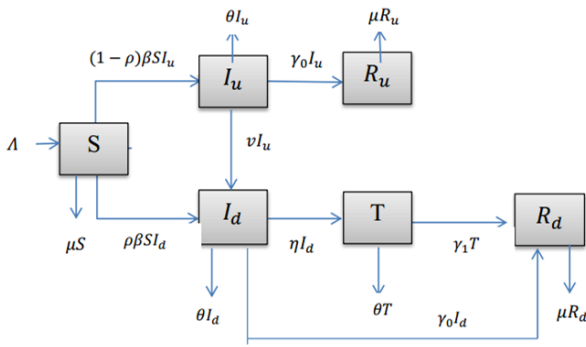
3.1 Model Matematika

Model matematika merujuk dari artikel (Sasmita et al., 2020) yang mengembangkan model $SEI_1 I_2 RS$ dengan mempertimbangkan kompartemen kasus individu terinfeksi tak terdeteksi dan individu terinfeksi tak terdeteksi. Sedangkan, pada artikel ini model matematika yang digunakan untuk mengkonstruksi model adalah model SIR dengan mempertimbangkan faktor pengobatan sebagai parameter model. Asumsi pembentukan model matematika dapat disusun sebagai berikut :

1. Populasi individu diasumsikan bercampur secara homogen.
2. Rapid tes/ swab tes untuk COVID-19 diterapkan kepada individu di semua jenis kompartemen.
3. Individu terinfeksi yang menjalani pengobatan (T) dapat pulih lebih cepat daripada individu terinfeksi yang belum menjalani pengobatan.
4. Individu terinfeksi tanpa menjalani pengobatan dapat pulih karena sistem kekebalan tubuh.
5. Diasumsikan tidak dapat terinfeksi kembali untuk individu yang telah pulih.
6. Kematian karena COVID-19 hanya ada untuk individu di kompartemen I_d , I_u dan T .
7. Semua kematian akibat COVID-19 terdeteksi dan dilaporkan.

8. Tingkat kontak penyakit hanya memperhatikan individu yang terinfeksi setelah masa inkubasi 14 hari karena tidak mempengaruhi kompartemen lainnya.

Berdasarkan asumsi-asumsi tersebut dibentuk model $SI_u I_d TR_u R_d$ dengan populasi individu dibagi kedalam enam kompartemen : populasi individu rentan (S), populasi individu terinfeksi yang terdeteksi (I_u), populasi individu terinfeksi tak terdeteksi (I_d), populasi individu terinfeksi yang menjalani pengobatan (T), populasi individu pulih yang terdeteksi (R_u), populasi individu pulih tak terdeteksi (R_d). Berikut diagram kompartemen dan sistem persamaan model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengobatan :



Gambar 2 Diagram kompartemen model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan

sistem persamaan dari diagram kompartemen tersebut adalah :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \Lambda N - \frac{\beta \rho S I_d}{N} - \frac{\beta (1-\rho) S I_u}{N} - \mu S \\
 \frac{dI_u}{dt} &= \frac{\beta (1-\rho) S I_u}{N} - (v + \gamma_0 + \theta) I_u \\
 \frac{dI_d}{dt} &= \frac{\rho \beta S I_d}{N} + v I_u - \eta I_d - \gamma_0 I_d - \theta I_d \\
 \frac{dT}{dt} &= \eta I_d - \gamma_1 T - \theta T \\
 \frac{dR_u}{dt} &= \gamma_0 I_u - \mu R_u \\
 \frac{dR_d}{dt} &= \gamma_0 I_d + \gamma_1 T - \mu R_d
 \end{aligned} \quad (3.1)$$

dengan :

- N : Jumlah populasi individu, dengan $N > 0$
 S : Jumlah individu yang tidak terinfeksi oleh virus, dengan $S > 0$
 I_u : Jumlah individu terinfeksi yang terdeteksi oleh pihak kesehatan, dengan $I_u \geq 0$
 I_d : Jumlah individu terinfeksi yang terdeteksi oleh pihak kesehatan, dengan $I_d \geq 0$
 T : Jumlah individu terinfeksi yang menjalani pengobatan, dengan $T \geq 0$
 R_u : Jumlah individu yang sebelumnya terinfeksi tak terdeteksi, kemudian pulih karena kekebalan alami tubuh terhadap virus, dengan $R_u \geq 0$

R_d : Jumlah individu yang sebelumnya terinfeksi terdeteksi, kemudian pulih karena menjalani pengobatan pada kompartemen (T), dengan $R_d \geq 0$

Λ : Laju kelahiran alami, dengan $\Lambda > 0$

β : Laju kontak penyakit seseorang terinfeksi, dengan $\beta \geq 0$

v : Laju upaya yang dilakukan untuk mendeteksi infeksi COVID-19 (rapid tes, swab tes atau tes lainnya) dengan $v \geq 0$

γ_0 : Laju pemulihan alami tiap individu, dengan $\gamma_0 \geq 0$

γ_1 : Laju pemulihan alami tiap individu karena pengobatan di kompartemen T $\gamma_1 \geq 0$

θ : Laju kematian karena COVID-19, dengan $\theta \geq 0$

μ : Laju kematian alami tiap individu, dengan, $\mu > 0$

η : Laju pengobatan dari I_d ke T , dengan $\eta \geq 0$

ρ : Proporsi individu yang terinfeksi dan terdeteksi oleh pihak kesehatan, dengan $0 \leq \rho \leq 1$

$1 - \rho$: Proporsi individu yang terinfeksi dan tidak terdeteksi oleh pihak kesehatan.

Dari persamaan (3.1) menjelaskan $N(t) = m$, dengan $m \geq 1$ (bilangan bulat positif). Oleh karena itu $N(t)$ konstan. Model non-dimensional dibentuk untuk menyederhanakan sistem, persamaan (3.1). *Rescaling* jumlah kompartemen individu dapat dinyatakan sebagai berikut :

$$s = \frac{S}{N}, i_u = \frac{I_u}{N}, i_d = \frac{I_d}{N}, t = \frac{T}{N}, r_u = \frac{R_u}{N}, r_d = \frac{R_d}{N} \quad (3.2)$$

Diperoleh

$s + i_u + i_d + t + r_u + r_d = \frac{S}{N} + \frac{I_u}{N} + \frac{I_d}{N} + \frac{T}{N} + \frac{R_u}{N} + \frac{R_d}{N}$
 sehingga sistem persamaan (3.1) dapat dibentuk menjadi model non dimensional :

$$\begin{aligned}
 \frac{ds}{dt} &= \Lambda - \beta \rho s i_d - \beta (1-\rho) s i_u - \mu s \\
 \frac{di_u}{dt} &= \beta (1-\rho) s i_u - (v + \gamma_0 + \theta) i_u \\
 \frac{di_d}{dt} &= \rho \beta s i_d + v i_u - (\eta + \gamma_0 + \theta) i_d \\
 \frac{dt}{dt} &= \eta i_d - \gamma_1 t - \theta t \\
 \frac{dr_u}{dt} &= \gamma_0 i_u - \mu r_u \\
 \frac{dr_d}{dt} &= \gamma_0 i_d + \gamma_1 t - \mu r_d
 \end{aligned} \quad (3.3)$$

sistem (3.3) adalah sistem persamaan diferensial nonlinier model penyebaran COVID-19 dengan pengobatan.

3.2 Analisis Model

3.2.1 Titik Keseimbangan

Semua persamaan di sistem persamaan (3.3) disamadengankan nol dan menyelesaikan semua variabel, sehingga diperoleh dua titik kesetimbangan sebagai

berikut :

1) Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Titik keseimbangan bebas penyakit dari sistem persamaan (3.3) :

$$E_0(S, I_u, I_d, T, R_u, R_d) = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0\right)$$

2) Titik Keseimbangan Endemik

Titik keseimbangan bebas penyakit dari sistem persamaan (3.3) :

$$E_1(S^*, I_u^*, I_d^*, T^*, R_u^*, R_d^*)$$

dengan

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{v + \gamma_0 + \theta}{\beta(1-\rho)} \\ I_u^* &= \frac{\Lambda \beta(1-\rho) - \beta \rho(v + \gamma_0 + \theta) I_d - \mu(v + \gamma_0 + \theta)}{\beta(1-\rho)(v + \gamma_0 + \theta)} \\ I_d^* &= \frac{v(\Lambda \beta(1-\rho) - \mu c)}{v \beta \rho c - \rho \beta c c + \eta \beta(1-\rho)c + \gamma_0 \beta(1-\rho)c + \theta \beta(1-\rho)c} \\ T^* &= \frac{\eta a}{b(\gamma_1 + \theta)} \\ R_u^* &= \frac{\gamma_0(\Lambda \beta(1-\rho) - \beta \rho(v + \gamma_0 + \theta) I_d - \mu(v + \gamma_0 + \theta))}{\mu \beta(1-\rho)(v + \gamma_0 + \theta)} \\ R_d^* &= \frac{\gamma_0 a(\gamma_1 + \theta) + \gamma_1 \eta a}{b(\gamma_1 + \theta)} \end{aligned}$$

Dimana $a = v(\Lambda \beta(1-\rho) - \mu c)$, $b = v \beta \rho c - \rho \beta c c + \eta \beta(1-\rho)c + \gamma_0 \beta(1-\rho)c + \theta \beta(1-\rho)c$, dan $c = (v + \gamma_0 + \theta)$.

3.2.2 Bilangan Reproduksi Dasar

Untuk menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0), menggunakan metode matriks generasi selanjutnya seperti yang dijelaskan oleh Hefferman et al (2005) dan Baojun (2013). Selanjutnya pelinearasi kelas terinfeksi I_u, I_d , dan T pada titik keseimbangan bebas penyakit diaplikasikan dengan matriks Jacobi sebagai berikut :

$$J_{(S, I_u, I_d, T)} = \begin{bmatrix} \frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} - (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 \\ v & \frac{\rho\beta\Lambda}{\mu} - (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 \\ 0 & \eta & -(\gamma_1 + \theta) \end{bmatrix}$$

matriks jacobi tersebut didekomposisi menjadi $J = F - V$ sehingga diperoleh :

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\rho\beta\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 \\ -v & (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 \\ 0 & -\eta & (\gamma_1 + \theta) \end{bmatrix}$$

Hitung V^{-1} ,

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{v + \gamma_0 + \theta} & 0 & 0 \\ \frac{v}{(v + \gamma_0 + \theta)(\eta + \gamma_0 + \theta)} & \frac{1}{\eta + \gamma_0 + \theta} & 0 \\ \frac{v\eta}{(v + \gamma_0 + \theta)(\eta + \gamma_0 + \theta)(\gamma_1 + \theta)} & \frac{\eta}{(\eta + \gamma_0 + \theta)(\gamma_1 + \theta)} & \frac{1}{\gamma_1 + \theta} \end{bmatrix}$$

Hitung R_0 dengan $R_0 = (FV^{-1})$

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\rho\beta\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{v + \gamma_0 + \theta} & 0 & 0 \\ \frac{v}{(v + \gamma_0 + \theta)(\eta + \gamma_0 + \theta)} & \frac{1}{\eta + \gamma_0 + \theta} & 0 \\ \frac{v\eta}{(v + \gamma_0 + \theta)(\eta + \gamma_0 + \theta)(\gamma_1 + \theta)} & \frac{\eta}{(\eta + \gamma_0 + \theta)(\gamma_1 + \theta)} & \frac{1}{\gamma_1 + \theta} \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} \frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu(v + \gamma_0 + \theta)} & 0 & 0 \\ \frac{\rho\beta\Lambda v}{\mu(v + \gamma_0 + \theta)(\eta + \gamma_0 + \theta)} & \frac{\rho\beta\Lambda}{\mu(\eta + \gamma_0 + \theta)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Nilai eigen matriks (FV^{-1})

$$\det(\lambda I - FV^{-1}) = 0$$

Diperoleh :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu(v + \gamma_0 + \theta)} \\ \lambda_2 &= \frac{\rho\beta\Lambda}{\mu(\eta + \gamma_0 + \theta)} \\ \lambda_3 &= 0 \end{aligned}$$

Karena bilangan reproduksi dasar merupakan nilai eigen terbesar, sehingga diperoleh:

$$R_0 = \frac{\rho\beta\Lambda}{\mu(\eta + \gamma_0 + \theta)}$$

3.2.3 Analisis Kestabilan

1. Analisis kestabilan titik keseimbangan bebas penyakit (E_0)

Nilai eigen dari matriks jacobi sistem (3.3) digunakan untuk menganalisis kestabilan titik keseimbangan bebas penyakit dengan metode linearisasi. Sistem (3.3) dibentuk matriks Jacobi dengan mensubstitusikan nilai $E_0(S, I_u, I_d, T, R_u, R_d) = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0\right)$ pada matriks Jacobi $J_{(E)}$, kemudian menentukan nilai eigen dari $J_{(E_0)}$, diperoleh persamaan karakteristik $\text{Det}(\lambda I - J_{(E_0)}) =$

$$(\lambda + \mu)(\lambda + \mu)(\lambda + \gamma_1 + \theta) \left(\lambda - \frac{\Lambda\rho\beta}{\mu} + (\eta + \gamma_0 + \theta) \right) \left(\lambda - \frac{\Lambda\beta(1-\rho)}{\mu} + (v + \gamma_0 + \theta) \right) (\lambda + \mu) = 0$$

diperoleh nilai eigen untuk $J_{(E_0)}$, yaitu :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \lambda_2 = \lambda_3 = -\mu \\ \lambda_4 &= -\gamma_1 - \theta \\ \lambda_5 &= -\left(\frac{-\beta\Lambda + \beta\rho\Lambda + v\mu + \gamma_0\mu + \theta\mu}{\mu} \right) \\ \lambda_6 &= -\left(\frac{-\beta\rho\Lambda + \eta\mu + \gamma_0\mu + \theta\mu}{\mu} \right) \end{aligned}$$

E_0 bersifat stabil asimtotik jika $\lambda_{1,2,3,4,5,6} < 0$. Semua nilai parameter bernilai positif, nilai $\mu > 0, \gamma_1 > 0, \theta > 0$ sehingga $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda_3 = -\mu < 0$ dan $\lambda_4 = -\gamma_1 - \theta < 0$

0. λ_5 akan bernilai negatif jika $\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} < \frac{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)}{\mu}$ dan akan bernilai positif jika $\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} > \frac{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)}{\mu}$.

Mengingat bahwa $\lambda_5 < 0$, maka $\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} < \frac{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)}{\mu}$ atau $\frac{\rho\beta\Lambda}{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)} < 1$ atau $R_0 < 1$ dan dengan memberikan kondisi $\frac{\Lambda\beta(1-\rho)}{\mu} < (v + \gamma_0 + \theta)$ maka $\lambda_5, \lambda_6 < 0$.

Sehingga dengan kondisi tersebut kesetimbangan bebas penyakit (E_0) bersifat stabil asimotik lokal.

(Perhitungan analitik $J_{(E)}$, $J_{(E_0)}$, persamaan karakteristik dan nilai eigen terlampir).

2. Analisis kestabilan titik kesetimbangan endemik (E_1)

Nilai eigen dari matriks jacobi sistem (3.3) digunakan untuk menganalisis kestabilan titik kesetimbangan endemik dengan metode linearisasi. Sistem (3.3) dibentuk matriks Jacobi J_{E_1} . Nilai eigen matriks J_{E_1} diperoleh dari persamaan berikut $\det(\lambda I - J_{E_1}) = 0$

Sehingga diperoleh persamaan karakteristik :

$$\begin{aligned} &\lambda^3 + (-\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta) + \beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu)\lambda^2 + \\ &((\beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu)(-\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) + \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*) + \\ &S^*(\rho\beta)^2 I_d^*)\lambda + \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*)(-\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) + \beta\rho S^*(\beta(1-\rho)I_u^*v) \end{aligned}$$

diperoleh nilai eigen dari matriks J_{E_1}

$$\lambda_{1,2} = -\mu$$

$$\lambda_3 = -\gamma_1 - \theta$$

$\lambda_{4,5,6}$ merupakan akar- akar dari persamaan karakteristik

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

dengan

$$a = -\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta) + \beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu$$

$$\begin{aligned} b = &((\beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu)(-\rho\beta S^* \\ &+ (\eta + \gamma_0 + \theta)) \\ &+ \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*) \\ &+ S(\rho\beta)^2 I_d^*) \end{aligned}$$

$$c = \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*)(-\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) + \beta\rho S^*(\beta(1-\rho)I_u^*v)$$

Karena semua nilai parameter bernilai positif, nilai $\mu > 0, \gamma_1 > 0, \theta > 0$ maka $\lambda_{1,2,3} < 0$ dan berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz persamaan (2) mempunyai akar- akar negatif jika memenuhi kondisi $a > 0, b > 0, c > 0$ dan $ab - c > 0$, sehingga dengan kondisi- kondisi tersebut E^* stabil asimotik lokal.

(Perhitungan analitik $J_{E_1}, J_{E_1}^*$, persamaan karakteristik dan nilai eigen terlampir).

3.3 Simulasi Numerik

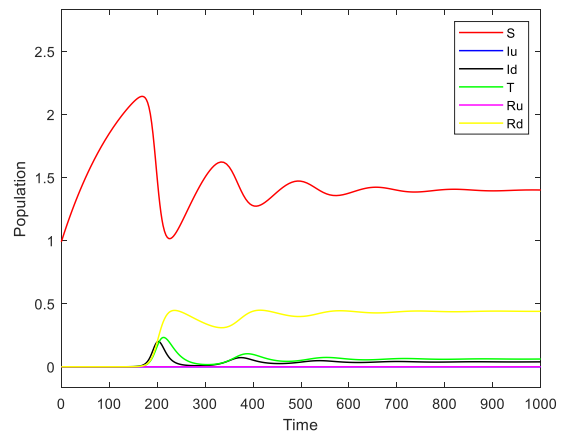
Pada bagian ini, hasil numerik dari sistem (3.3) dilakukan

dengan menggunakan software Matlab R2020a dengan nilai awal $S(0) = 0.99, I_u = 0.0000003, I_d = 0.000002, T = 0.000002, R_u = 0, R_d = 0.0000003$. Pada penelitian menggunakan nilai parameter pada beberapa penelitian sebelumnya mengenai penyebaran COVID-19. Nilai-nilai parameter yang digunakan pada penelitian ini adalah sebagai berikut :

Tabel 2. Nilai-nilai parameter Sistem (3.3)

Variabel	Nilai	Keterangan
β	0.4/hari	(Prem et al., 2020)
v	0.367/hari	(Aldila, et al., 2020)
γ_0	0.075/hari	(Ivorra et al., 2020)
γ_1	0.003/hari	(Goswami & Shanmukha, 2016)
θ	0.06/hari	(Aldila, et al., 2020)
μ	0.007/hari	(Ract, 2017)
η	0.1/hari	(Goswami & Shanmukha, 2016)
ρ	0.42/hari	(Aldila, et al., 2020)
$1 - \rho$	$1 - 0.42 = 0.58$	(Aldila, et al., 2020)
Λ	0.01888/hari	(Sasmita et al., 2020)

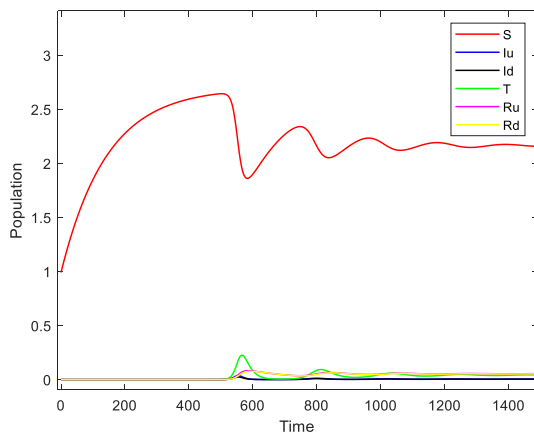
Berdasarkan nilai parameter tersebut diperoleh $R_0 = 1.928170213 > 1$. Karena $R_0 > 1$, maka pada wilayah tersebut masih terjadi pandemi. Titik kesetimbangan endemiknya adalah $E_1(S^*, I_u^*, I_d^*, T^*, R_u^*, R_d^*) = (0.88380282, 0.00696438, 0.01988783, 0.03156799, 0.07461841, 0.22661303)$.



Gambar 3 Hasil simulasi model dari sistem (3.3) titik kesetimbangan endemik saat $R_0 > 1$ menggunakan MATLAB R2020a

Gambar 3 menunjukkan hasil simulasi dari sistem (3.3) untuk populasi individu rentan (S), populasi individu terinfeksi tak terdeteksi (I_u), populasi individu terinfeksi terdeteksi (I_d), populasi individu yang menjalani pengobatan (T), populasi individu pulih tak terdeteksi (R_u) populasi individu pulih terdeteksi (R_d) pada saat endemik ($R_0 > 1$).

Gambar 4 menunjukkan titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) dengan menambah nilai parameter laju pengobatan (η), sehingga ditetapkan nilai parameter yaitu $\beta = 0.4, \eta = 0.8, \rho = 0.42, v = 0.367, \gamma_0 = 0.075, \gamma_1 = 0.003, \theta = 0.06, \mu = 0.007, 1 - \rho = 0.58, \Lambda = 0.01888$. Berdasarkan nilai parameter tersebut diperoleh $R_0 = 0.6812952149 < 1$. Titik kesetimbangan E_0 adalah $E_0(S, I_u, I_d, T, R_u, R_d) = (2.069714, 0, 0, 0, 0, 0)$



Gambar 4 hasil simulasi model dari sistem (3.3) titik kesetimbangan bebas penyakit ketika $R_0 < 1$ menggunakan MATLAB R2020a

Gambar 4 menunjukkan hasil simulasi model dari sistem (3.3) titik kesetimbangan bebas penyakit ketika $R_0 < 1$ yang artinya populasi pada wilayah tersebut bebas dari penyakit dalam jangka waktu tertentu.

5. PENUTUP

Simpulan

Berdasarkan konstruksi model yang dilakukan, maka dapat disimpulkan :

1. Bentuk model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan yaitu :

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \Lambda N - \frac{\beta \rho S I_d}{N} - \frac{\beta(1-\rho) S I_u}{N} - \mu S \\ \frac{dI_u}{dt} &= \frac{\beta(1-\rho) S I_u}{N} - (v + \gamma_0 + \theta) I_u \\ \frac{dI_d}{dt} &= \frac{\beta \rho S I_d}{N} + v I_u - \eta I_d - \gamma_0 I_d - \theta I_d \\ \frac{dT}{dt} &= \eta I_d - \gamma_1 T - \theta T \\ \frac{dR_u}{dt} &= \gamma_0 I_u - \mu R_u \\ \frac{dR_d}{dt} &= \gamma_0 I_d + \gamma_1 T - \mu R_d \end{aligned} \quad (5.1)$$

2. Model sistem persamaan (5.1) mempunyai dua titik kesetimbangan yaitu Titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0(S, I_u, I_d, T, R_u, R_d) = (\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0)$ dan titik kesetimbangan Endemik $E_1(S^*, I_u^*, I_d^*, T^*, R_u^*, R_d^*)$ dengan

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{v + \gamma_0 + \theta}{\beta(1-\rho)} \\ I_u^* &= \frac{\Lambda \beta(1-\rho) - \beta \rho(v + \gamma_0 + \theta) I_d - \mu(v + \gamma_0 + \theta)}{\beta(1-\rho)(v + \gamma_0 + \theta)} \\ I_d^* &= \frac{v \Lambda \beta(1-\rho) - \mu c}{v \Lambda \beta(1-\rho) - \mu c} \\ T^* &= \frac{\eta a}{b(\gamma_1 + \theta)} \\ R_u^* &= \frac{\gamma_0(\Lambda \beta(1-\rho) - \beta \rho(v + \gamma_0 + \theta) I_d - \mu(v + \gamma_0 + \theta))}{\mu \beta(1-\rho)(v + \gamma_0 + \theta)} \\ R_d^* &= \frac{\gamma_0 a(\gamma_1 + \theta) + \gamma_1 \eta a}{b(\gamma_1 + \theta)} \end{aligned}$$

dimana $a = v(\Lambda \beta(1-\rho) - \mu c)$, $b = v \beta \rho c - \rho \beta c c + \eta \beta(1-\rho)c + \gamma_0 \beta(1-\rho)c + \theta \beta(1-\rho)c$ dan $c = (v + \gamma_0 + \theta)$

3. Diperoleh bilangan reproduksi dasar $R_0 = \frac{\rho \beta \Lambda}{\mu(\eta + \gamma_0 + \theta)}$. Kesetimbangan bebas penyakit E_0 bersifat stabil asimtotik jika nilai $R_0 < 1$ dan kesetimbangan endemik E_1 bersifat stabil asimtotik jika nilai $R_0 > 1$.
4. Simulasi dari model matematika penyebaran COVID-19 dengan pengaruh pengobatan ini menggunakan Matlab R2020a dengan menggunakan nilai parameter pada beberapa penelitian sebelumnya mengenai penyebaran COVID-19. Berdasarkan nilai-nilai parameter tersebut menunjukkan bahwa :
 - 1) Bilangan reproduksi dasar $R_0 > 1$, maka pada wilayah tersebut masih terjadi pandemi.
 - 2) Laju pengobatan mempengaruhi model dinamika sistem pada simulasi. Bilangan reproduksi dasar (R_0) menjadi kurang dari satu jika menambah nilai laju pengobatan (η).

Saran

Model matematika pada artikel ini dapat disimulasikan dengan menggunakan data real pada suatu wilayah tertentu. Saran tersebut bertujuan untuk memperoleh

perbandingan hasil simulasi model dengan kondisi sebenarnya.

DAFTAR PUSTAKA

- (CDC), C. for D. C. and P. (n.d.). *How COVID-19 spreads*.
- Control, E. C. for D. P. and. (2020). *Q&A on COVID-19*.
- COVID-19, C. for S. S. and E. at J. H. U. (2020). *No Title*.
- Goswami, N. K., & Shanmukha, B. (2016). A Mathematical Model of Influenza: Stability and Treatment. *Proceedings of the International Conference on Mathematical Modeling and Simulation(ICMMS 16), August 2016*.
- Ivorra, B., Ferrández, M. R., Vela-pérez, M., & Ramos, A. M. (2020). *Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID- 19 . The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect , the company 's public news and information . January*.
- Manaqib, M., & Fauziah, I. (2019). *Mathematical Model for Mers-CoV Disease Transmission with Medical Mask Usage and Vaccination*. 1(2), 97–109. <https://doi.org/10.15408/inprime.v1i2.13553>
- Prem, K., Liu, Y., Russell, T. W., Kucharski, A. J., Eggo, R. M., Davies, N., Flasche, S., Clifford, S., Pearson, C. A. B., Munday, J. D., Abbott, S., Gibbs, H., Rosello, A., Quilty, B. J., Jombart, T., Sun, F., Diamond, C., Gimma, A., van Zandvoort, K., ... Klepac, P. (2020). The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the COVID-19 epidemic in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet Public Health*, 5(5), e261–e270. [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(20\)30073-6](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(20)30073-6)
- Ract, A. (2017). *KESTABILAN MODEL M ATEM ATIKA PENULARAN PENYAKIT*. 14(2), 232–241.
- Sasmita, N. R., Ikhwan, M., Suyanto, S., & Chongsuvivatwong, V. (2020). Optimal control on a mathematical model to pattern the progression of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Indonesia. *Global Health Research and Policy*, 5(1). <https://doi.org/10.1186/s41256-020-00163-2>
- Science, N., Phenomena, C., Aldila, D., Khoshnaw, S. H. A., Safitri, E., Rais, Y., Bakry, A. R. Q., Samiadji, B. M., Anugerah, D. A., Alfarizi, M. F., Ayulani, I. D., & Salim, S. N. (2020). Chaos , Solitons and Fractals A mathematical study on the spread of COVID-19 considering social distancing and rapid assessment: The case of Jakarta , Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals: The Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science, and Nonequilibrium and Complex Phenomena*, 139, 110042. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110042>
- Science, N., Phenomena, C., Annas, S., Isbar, M., Rifandi, M., Sanusi, W., & Side, S. (2020). *Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID-19 . The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect , the company 's public news and information . January*.
- World Health Organization. (n.d.-a). *Coronavirus disease (COVID-19) technical guidance*.
- World Health Organization. (n.d.-b). *Emergencies, preparedness, response. Pneumonia of unknown origin – China, Disease Outbreak News*.
- World Health Organization. (2020a). *Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): Situation report*. <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-%0A2019-ncov-on-11-february-2020>
- World Health Organization. (2020b). *Coronavirus disease 2019 (COVID-19)*.
- World Health Organization. (2020c). *Q&a on coronaviruses (COVID-19)*.

LAMPIRAN

Lampiran 3 Analisis Kestabilan

- Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Nilai eigen dari matriks jacobí sistem (3.3) digunakan untuk menganalisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dengan metode linearisasi . Sistem (3.3) dibentuk matriks Jacobi sehingga diperoleh :

$$J_{(E)} = \begin{bmatrix} -\beta\rho I_d - \beta(1-\rho)I_u - \mu & -\beta(1-\rho)S & -\beta\rho S & 0 & 0 & 0 \\ \beta(1-\rho)I_u & \beta(1-\rho)S - (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \beta\rho I_d & v & \beta\rho S - (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \eta & -\gamma_1 - \theta & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_0 & 0 & 0 & -\mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_0 & \gamma_1 & 0 & -\mu \end{bmatrix}$$

Dengan mensubstitusikan nilai $E_0(S, I_u, I_d, T, R_u, R_d) = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0\right)$ pada matriks Jacobi $J_{(E)}$, sehingga diperoleh :

$$J_{(E_0)} = \begin{bmatrix} -\mu & -\frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} & -\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} - (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & v & \frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} - (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \eta & -\gamma_1 - \theta & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_0 & 0 & 0 & -\mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_0 & \gamma_1 & 0 & -\mu \end{bmatrix}$$

Kemudian menentukan nilai eigen dari $J_{(E_0)}$, diperoleh :

$$\text{Det}(\lambda I - J_{(E_0)}) = 0$$

$$\det \left(\begin{bmatrix} \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -\mu & -\frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} & -\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta(1-\rho)\Lambda}{\mu} - (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & v & \frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} - (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \eta & -\gamma_1 - \theta & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_0 & 0 & 0 & -\mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_0 & \gamma_1 & 0 & -\mu \end{bmatrix} \right) = 0$$

Diperoleh persamaan karakteristik

$$(\lambda + \mu)(\lambda + \mu)(\lambda + \gamma_1 + \theta) \left(\lambda - \frac{\Lambda\rho\beta}{\mu} + (\eta + \gamma_0 + \theta) \right) \left(\lambda - \frac{\Lambda\beta(1-\rho)}{\mu} + (v + \gamma_0 + \theta) \right) (\lambda + \mu) = 0$$

Diperoleh nilai eigen untuk $J_{(E_0)}$, yaitu :

$$\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda_3 = -\mu$$

$$\lambda_4 = -\gamma_1 - \theta$$

$$\lambda_5 = -\left(\frac{-\beta\rho\Lambda + \eta\mu + \gamma_0\mu + \theta\mu}{\mu} \right)$$

$$\lambda_6 = -\left(\frac{-\beta\Lambda + \beta\rho\Lambda + v\mu + \gamma_0\mu + \theta\mu}{\mu} \right)$$

E_0 bersifat stabil asimtotik jika $\lambda_{1,2,3,4,5,6} < 0$. Semua nilai parameter bernilai positif, nilai $\mu > 0, \gamma_1 > 0, \theta > 0$ sehingga $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda_3 = -\mu < 0$ dan $\lambda_4 = -\gamma_1 - \theta < 0$. λ_5 akan bernilai negatif jika $\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} < \frac{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)}{\mu}$ dan akan bernilai positif jika $\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} > \frac{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)}{\mu}$.

Mengingat bahwa $\lambda_5 < 0$, maka $\frac{\beta\rho\Lambda}{\mu} < \frac{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)}{\mu}$ atau $\frac{\rho\beta\Lambda}{\mu(\eta+\gamma_0+\theta)} < 1$ atau $R_0 < 1$ dan dengan memberikan kondisi $\frac{\Lambda\beta(1-\rho)}{\mu} < (v + \gamma_0 + \theta)$ maka $\lambda_5, \lambda_6 < 0$. Sehingga dengan kondisi tersebut kesetimbangan bebas penyakit (E_0) bersifat stabil asimtotik lokal.

- Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Endemik (E_1)

Nilai eigen dari matriks jacobi sistem (3.3) digunakan untuk menganalisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dengan metode linearisasi. Sistem (3.3) dibentuk matriks Jacobi sehingga diperoleh :

$$J_{(E_1)} = \begin{bmatrix} -\beta\rho I_d - \beta(1-\rho)I_u - \mu & -\beta(1-\rho)S & -\beta\rho S & 0 & 0 & 0 \\ \beta(1-\rho)I_u & \beta(1-\rho)S - (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \beta\rho I_d & v & \beta\rho S - (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \eta & -\gamma_1 - \theta & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_0 & 0 & 0 & -\mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_0 & \gamma_1 & 0 & -\mu \end{bmatrix}$$

Nilai eigen matriks J_{E_1} diperoleh dari persamaan berikut $\det(\lambda I - J_{E_1})=0$

$$\begin{vmatrix} \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda \end{vmatrix} - \begin{vmatrix} -\beta\rho I_d - \beta(1-\rho)I_u - \mu & -\beta(1-\rho)S & -\beta\rho S & 0 & 0 & 0 \\ \beta(1-\rho)I_u & \beta(1-\rho)S - (v + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \beta\rho I_d & v & \beta\rho S - (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \eta & -\gamma_1 - \theta & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_0 & 0 & 0 & -\mu & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_0 & \gamma_1 & 0 & -\mu \end{vmatrix} = 0$$

$$J_{E_1}^* = \begin{pmatrix} \lambda + \beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu & \beta(1-\rho)S^* & \beta\rho S^* & 0 & 0 & 0 \\ -\beta(1-\rho)I_u^* & \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\beta\rho I_d^* & -v & \lambda - \beta\rho S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\eta & \lambda + \gamma_1 + \theta & 0 & 0 \\ 0 & -\gamma_0 & 0 & 0 & \lambda + \mu & 0 \\ 0 & 0 & -\gamma_0 & -\gamma_1 & 0 & \lambda + \mu \end{pmatrix} = 0$$

Sehingga diperoleh persamaan karakteristik:

$$\begin{aligned} \lambda^3 + (-\beta\rho S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta) + \beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu)\lambda^2 \\ + ((\beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu)(-\beta\rho S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) + \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*)) \\ + S^*(\beta\rho)^2 I_d^* \lambda + \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*)(-\beta\rho S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) \\ + \beta\rho S^*(\beta(1-\rho)I_u^* v) \end{aligned}$$

diperoleh nilai eigen dari matriks $J_{E_1}^*$

$$\lambda_{1,2} = -\mu$$

$$\lambda_3 = -\gamma_1 - \theta$$

$\lambda_{4,5,6}$ merupakan akar-akar dari persamaan karakteristik

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

dengan

$$\begin{aligned}
 a &= -\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta) + \beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu \\
 b &= \left((\beta\rho I_d^* + \beta(1-\rho)I_u^* + \mu)(-\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) + \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*) + S(\rho\beta)^2 I_d^* \right) \\
 c &= \beta(1-\rho)S^*(\beta(1-\rho)I_u^*)(-\rho\beta S^* + (\eta + \gamma_0 + \theta)) + \beta\rho S^*(\beta(1-\rho)I_u^*v)
 \end{aligned}$$

Karena semua nilai parameter bernilai positif, nilai $\mu > 0, \gamma_1 > 0, \theta > 0$ maka $\lambda_{1,2,3} < 0$ dan berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz persamaan (2) mempunyai akar-akar negatif jika memenuhi kondisi $a > 0, b > 0, c > 0$ dan $ab - c > 0$, sehingga dengan kondisi-kondisi tersebut kesetimbangan endemik (E_1) stabil asimtotik lokal.