

ANALISIS DINAMIK MODEL KOINFEKSI PENYAKIT DIFTERI DAN COVID-19

Mohammad Rizal

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : Mohammad.17030214046@mhs.unesa.ac.id

Rudianto Artiono

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : rudiantoartiono@unesa.ac.id

Abstrak

Tujuan penulisan artikel ini adalah untuk menganalisis dinamik model koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19. Kedua penyakit ini memiliki kemiripan tidak hanya pada pola penyebaran dan gejala yang ditimbulkan tetapi juga karakteristik terjadinya re-infeksi. Data yang diperoleh dari laman resmi WHO menyatakan bahwa dalam semester awal sejak kemunculannya di Kota Wuhan China, penyakit Covid-19 sudah menyebar ke 100-250 negara termasuk Indonesia. Sementara, penyakit lain yang juga memiliki tingkat penyebaran tinggi di Indonesia adalah Difteri. Analisis dinamik dari model koinfeksi penyakit Covid-19 dan Difteri dilakukan secara runtun sebagai berikut: pembuatan model matematika, penentuan titik kesetimbangan dan analisisnya, penentuan bilangan reproduksi dasar dan analisisnya, serta simulasi numerik. Dari model yang dibangun, terdapat 4 titik kritis yaitu titik kritis bebas penyakit, titik kritis Difteri, titik kritis Covid-19, serta titik kritis Difteri dan Covid-19. Penentuan bilangan reproduksi dasar menggunakan *Next Generation Matrix* untuk kasus titik kritis bebas penyakit menghasilkan 2 bilangan reproduksi dasar yaitu R_{01} dan R_{02} . Pada saat $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$ maka titik kritis bebas penyakit akan stabil, artinya untuk periode waktu tertentu kedua penyakit akan hilang dari populasi. Pada saat $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$ maka titik kritis bebas penyakit tidak stabil dan ini berarti bahwa penyakit difteri akan ada di dalam populasi, sementara ketika $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$ maka penyakit Covid-19 akan ada di dalam populasi. Hasil ini didukung oleh simulasi numerik yang dilakukan menggunakan software MATLAB untuk mengetahui perilaku model pada saat t (waktu) menuju tak hingga.

Kata kunci: Koinfeksi, Pemodelan Matematika, Difteri, COVID-19**Abstract**

The purpose of writing this article is to analyze the dynamics of the co-infection model for Diphtheria and Covid-19. Based on the results of the literature review, these two diseases have similarities not only in the pattern of spread and the symptoms they cause but also in the characteristics of the occurrence of re-infection. Data obtained from the official WHO website states that in the first semester since its appearance in the Chinese city of Wuhan, the Covid-19 disease has spread 100-250 countries including Indonesia. Meanwhile, another disease that also has a high spread rate in Indonesia is diphtheria. The dynamic analysis of the Covid-19 and Diphtheria co-infection models was carried out in a sequence as follows: making a mathematical model, determining the equilibrium point and its analysis, determining the basic reproduction number and analysis, and numerical simulation. From the constructed model, there are 4 critical points, namely the disease-free critical point, the Diphtheria critical point, the Covid-19 critical point, and the Diphtheria and Covid-19 critical point. Determination of the basic reproduction number using the *Next Generation Matrix* for disease-free critical point cases produces 2 basic reproduction numbers, namely R_{01} dan R_{02} . When $R_{01} < 1$ and $R_{02} < 1$, the disease-free critical point will be stable, meaning that for a certain period of time the two diseases will disappear from the population. When $R_{01} > 1$ and $R_{02} < 1$, the disease-free critical point is unstable and this means that diphtheria will be present in the population, while when $R_{01} < 1$ and $R_{02} > 1$ then Covid-19 will be present in the population. These results are supported by numerical simulations carried out using MATLAB software to determine the behavior of the model when t (time) goes to infinity.

Keywords : Co-infection ; Mathematical modelling ; Diphtheria ; COVID-19

PENDAHULUAN

Pada 8 Desember 2019, virus Corona pertama kali muncul di Wuhan, ibukota Provinsi Hubei, China. Kemunculan pertama kali kasus ini dikaitkan dengan kejadian sejumlah warganegara China yang terinfeksi virus di sebuah pasar yang menjual berbagai macam hewan liar seperti kelelawar. Hewan ini yang kemudian ditengarai menjadi pembawa virus corona ke manusia. Kurang dari satu bulan, virus ini telah menyebar ke beberapa negara seperti Hongkong, Thailand, Jepang, bahkan Korea Selatan. Untuk skala global sampai dengan 15 November 2020, Badan Kesehatan Dunia (WHO) telah melaporkan sebanyak 53.7 juta kasus orang yang terinfeksi virus corona dimana jumlah ini berasal dari hampir seluruh negara yang ada dunia. Sementara, jumlah kematian akibat virus ini sampai dengan 15 November 2020 tercatat sebanyak 1.3 juta orang (Liu dkk, 2020; Who, 2020). WHO memberi nama virus ini dengan nama *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2* (SARS-CoV-2) yang merupakan jenis virus Corona yang baru. Sementara, penyakit yang disebabkan oleh virus ini diberi nama Coronavirus Disease 2019 (Covid-19) dan digolongkan sebagai penyakit menular (Lai dkk, 2020).

Manusia yang telah terinfeksi virus ini kemudian menularkan ke manusia lain melalui tetesan uap air (droplets) yang keluar dari hidung atau mulutnya. Tetesan ini juga bisa menempel pada permukaan benda yang selanjutnya akan menginfeksi orang yang menyentuh benda tersebut kemudian secara tidak sadar orang tersebut menyentuh bagian mata, hidung atau mulutnya (Lu dkk, 2020). Seseorang yang terpapar Covid-19 tidak langsung menjadi orang yang dapat menularkan penyakit ini ke orang lain, melainkan ditandai dengan munculnya beberapa manifestasi klinis seperti gangguan pada pernapasan, demam, batuk dan sesak napas (Lechien dkk, 2020). Terdapat masa inkubasi pada orang yang pertama kali terinfeksi Covid-19 sampai dengan muncul gejala-gejala seperti yang telah disebutkan. Rata-rata masa inkubasi virus adalah 5-6 hari, dan masa inkubasi terlama adalah 14 hari (Linton dkk, 2020). Pada kasus yang tergolong berat, Covid-19 dapat mengakibatkan penyakit pneumonia, gangguan fungsi ginjal, dan bahkan kematian (Kemenkes RI, 2020).

Sementara, menurut WHO, salah satu penyakit menular lainnya dengan tingkat penularan yang tinggi di Indonesia adalah difteri. Sejak tahun 2011 sampai 2015 terdapat 3.203 kasus di Indonesia yang menjadikan Indonesia sebagai negara dengan insidensi difteri tertinggi kedua di dunia (WHO, 2017).

Difteri merupakan penyakit yang disebabkan oleh bakteri yaitu *Corynebacterium diphtheriae* (Choe dkk, 1992:216; Murphy, 1996). Bakteri *C. diphtheriae* ke dalam menetap pada permukaan mukosa tepat di saluran pernapasan atas (mata dan organ genital lainnya bisa menjadi tempat menetapnya bakteri ini). Tanda-tanda penyakit ini adalah munculnya peradangan pada daerah terinfeksi, terutama pada selaput lendir faring, tenggorokan, amandel, hidung bahkan kulit (Wagner dkk, 2012:217; Hurwitz dkk, 2000:81). Manusia merupakan reservoir yang baik bagi *C. diphtheriae* sehingga penyakit ini hanya menular dari manusia ke manusia. Penularan Difteri sama seperti Covid-19 yang terjadi melalui droplet (percikan ludah) dari bersin, muntah, batuk, peralatan makan, atau kontak langsung dengan tetesan dari lesi kulit (Pappenheimer dkk, 1983:923).

Orang yang terinfeksi Difteri akan mengalami gejala dan tanda berikut, antara lain infeksi saluran pernapasan atas akut, radang tenggorokan, nyeri saat menelan, demam tidak terlalu tinggi (dibawah 38.5° C) dan pseudomembran berwarna putih pada amandel, faring dan tenggorokan. Masa inkubasi penyakit ini paling umum sekitar 2-5 hari dengan rentang paling lebar 1-10 hari (Santos dkk, 2015:794; Kemenkes RI, 2018; Truelove dkk, 2020:92). Penyakit ini termasuk kategori penyakit yang mematikan sehingga penting untuk mengetahui segala hal yang terkait dengan penyebaran maupun penanganannya. Seseorang yang terinfeksi penyakit difteri perlu dirujuk ke rumah sakit untuk mendapatkan perawatan.

Kondisi saat ini dimana terjadi pandemik secara global dan banyak terjadi pengalihan fungsi rumah sakit yang lebih memprioritaskan pada pasien Covid-19 mengakibatkan para pasien penyakit menular lainnya seperti difteri menjadi tidak tertangani secara optimal. Pasien difteri yang dirawat pada rumah sakit yang sama dengan pasien Covid-19 akan mengakibatkan terjadinya koinfeksi kedua penyakit atau pemberian vaksin difteri yang terganggu karena konsentrasi tenaga kesehatan yang

lebih mengutamakan pasien Covid-19 memungkinkan munculnya pasien dengan dua penyakit (tadolini dkk, 2020). Hal ini menjadi latarbelakang penelitian yang terkait dengan pengembangan model matematika koinfeksi antara penyakit difteri dengan Covid-19. Pada artikel ini akan dibangun model koinfeksi Covid-19 dan penyakit difteri yang melibatkan re-infeksi. Model ini dibangun dengan menggunakan model SIR dimana terdapat 3 kelas populasi yaitu Susceptible (banyaknya populasi orang sehat), Infected (banyaknya populasi orang yang terinfeksi) dan Recovery (banyaknya populasi orang yang sembuh).

KAJIAN TEORI

Sistem Persamaan Diferensial

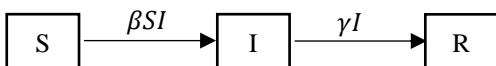
Sistem persamaan diferensial adalah terdapat sistem n persamaan diferensial dengan fungsi satu atau lebih variabel, di mana n adalah bilangan bulat positif lebih 1 (Finizio dan Ladas, 1982:132). Persamaan diferensial terkait dan konsisten satu sama lain. Suatu sistem yang terdiri atas n persamaan orde pertama memiliki bentuk umum sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{df_1}{dt} &= h_1(t, f_1, f_2, \dots, f_n) \\ \frac{df_2}{dt} &= h_2(t, f_1, f_2, \dots, f_n) \\ &\vdots \\ \frac{df_n}{dt} &= h_n(t, f_1, f_2, \dots, f_n) \end{aligned} \tag{2.1}$$

Dengan f_1, f_2, \dots, f_n merupakan variabel bebas dan t merupakan variabel terikat, sehingga $f_1 = f_1(t), f_2 = f_2(t), \dots, f_n = f_n(t)$, dimana $\frac{df_n}{dt}$ merupakan turunan fungsi f_n terhadap t , dan g_j merupakan fungsi yang tergantung pada variabel f_1, f_2, \dots, f_n dan t (Claudia, 2004:702).

Model SIR

Model yang akan dibangun pada penelitian ini didasarkan pada model SIR dasar penularan dan penyebaran penyakit yang awalnya dikembangkan oleh Kermack-Mckendrick pada tahun 1927 (Kermack dkk, 1927). Sebelum menurunkan persamaan untuk model SIR, perlu adanya model kompartemen untuk melihat rute transmisi penyebaran penyakit pada suatu populasi.



Gambar 1. Diagram model SIR

Pada saat $t = 0$ hanya terdapat populasi manusia sehat. Ketika suatu penyakit menginfeksi salah satu anggota populasi manusia sehat dengan infeksi rate sebesar β maka akan terjadi perubahan jumlah populasi dalam satuan waktu, sehingga Populasi manusia terinfeksi akan meningkat. Dalam proses penyembuhan dengan recovery rate sebesar γ maka akan terjadi perubahan jumlah populasi dalam satuan waktu sehingga populasi manusia terinfeksi akan turun sementara populasi manusia sembuh akan meningkat.

Dari pernyataan diatas, dapat diturunkan suatu model persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \tag{2.2}$$

Dengan S adalah populasi manusia rentan (*Susceptible*), I adalah populasi manusia terinfeksi (*Infected*), dan R adalah populasi manusia yang telah sembuh dari penyakit (*Recovery*). Untuk $\frac{dS}{dt}, \frac{dI}{dt}$, dan $\frac{dR}{dt}$ merepresentasikan laju pertumbuhan tigapopulasi pada waktu t , N merupakan total populasi manusia dan β dan γ sebagai parameter yang menjelaskan laju tentang interaksi antara tiga populasi.

Titik Kesetimbangan

Titik kesetimbangan (titik kritis) adalah titik yang tidak dipengaruhi oleh waktu t yang artinya ketika $t = 1, 2, \dots, n$, nilai dari titik ini akan tetap. Menurut definisi menyatakan "Titik $s^* = (s_1^*, s_2^*, \dots, s_n^*)$ disebut sebagai titik kesetimbangan sistem $\dot{s} = f(s)$ jika memenuhi $f(s_1^*, s_2^*, \dots, s_n^*) = 0$ " (Penney dkk, 2000).

Jadi, s^* adalah titik kesetimbangan, dimana s^* disubstitusikan pada f maka $f(s^*) = 0$. Menentukan titik kesetimbangan menggunakan metode substitusi.

Matriks Jacobi

Matriks Jacobi adalah sebuah matriks yang memiliki komponen fungsi f_1, f_2, \dots, f_n dengan $\frac{\partial f_i}{\partial t_j}$ adalah entri matriks pada baris ke $-i$ kolom ke $-j$ yang

merupakan turunan parsial pertama dari f_i terhadap variable t_j .

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial t_1} & \frac{\partial f_1}{\partial t_2} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial t_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial t_1} & \frac{\partial f_2}{\partial t_2} & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial t_n} \\ \frac{\partial f_3}{\partial t_1} & \frac{\partial f_3}{\partial t_2} & \dots & \frac{\partial f_3}{\partial t_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial t_1} & \frac{\partial f_n}{\partial t_2} & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial t_n} \end{bmatrix}$$

Nilai Eigen dan Vektor Eigen

Misal T adalah matriks $n \times n$, maka sebuah vektor bukan nol x pada R^n disebut vektor eigen dari T sehingga Tx adalah sebuah kelipatan skalar dari x , dapat ditulis.

$$Tx = \lambda x \quad (2.3)$$

λ merupakan skalar sembarang, yang disebut nilai eigen dari T dan x adalah vector eigen T terikat ke λ .

Menentukan nilai eigen dari T , dapat dijabarkan melalui persamaan:

$$\begin{aligned} Tx &= \lambda x \\ (\lambda I - T)x &= 0 \end{aligned} \quad (2.4)$$

Dimana I merupakan matriks identitas dengan ordo yang bersesuaian dengan matriks T . Persamaan (2.3) harus memiliki solusi tak nol agar λ dapat menjadi nilai eigen. Ini akan terpenuhi jika:

$$\det(\lambda I - T) = 0 \quad (2.5)$$

Persamaan ini disebut persamaan karakteristik matriks T (Anton, 2004).

Kestabilan Titik Kesetimbangan

Stabilitas titik kesetimbangan pada sistem dapat ditentukan oleh nilai eigen sistem linier di sekitar titik kesetimbangan. Karakteristik dari titik kesetimbangan yaitu: (Finizio dan Ladas. 1988).

1. Jika Setiap nilai eigen real bernilai tak positif ($\lambda_i \leq 0, \forall i = 1, \dots, n$) dan untuk setiap komponen real dari nilai eigen kompleks bernilai tak positif ($\text{Re}(\lambda_i) \leq 0, \forall i = 1, \dots, n$) maka dikatakan stabil.
2. Jika setiap nilai eigen real bernilai negatif ($\lambda_i < 0, \forall i = 1, \dots, n$) dan untuk setiap komponen real dari nilai eigen kompleks bernilai tak positif ($\text{Re}(\lambda_i) < 0, \forall i = 1, \dots, n$) maka dikatakan stabil asimtotik.
3. Jika ada nilai eigen real bernilai negative ($\lambda_i > 0, \exists i = 1, \dots, n$). Dan ada komponen real dari nilai eigen kompleks bernilai positif

($\text{Re}(\lambda_i) > 0, \forall i = 1, \dots, n$) maka maka dikatakan tidak stabil

Next Generation Matriks (NGM)

Model kompartemen penyakit yang hanya meninjau populasi terinfeksi dan mengabaikan populasi rentan dan *recovery*. Terdapat \mathcal{F}_i sebagai matriks dari individu baru yang terinfeksi penyakit (masuk ke kompartemen populasi terinfeksi), dan \mathcal{V}_i sebagai matriks dari jumlah individu terinfeksi (keluar atau masuk ke kompartemen populasi terinfeksi) (Diekmann dkk, 2009). Dengan \mathcal{F} dan \mathcal{V} merupakan matriks berukuran $n \times n$ yang didefinisikan oleh

$$\mathcal{F} = \left[\frac{\partial f_i}{\partial x_j}(\sigma^0) \right] \text{ dan } \mathcal{V} = \left[\frac{\partial v_i}{\partial x_j}(\sigma^0) \right]$$

Dengan (σ^0) adalah titik kesetimbangan bebas penyakit. Selanjutnya di definisikan matriks $K = -\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$ yang disebut sebagai *Next Generation Matrix* (Diekmann dkk, 2009). Nilai dari bilangan reproduksi dasar pada populasi adalah nilai eigen yang paling dominan dari matriks K (Diekmann dkk, 2009).

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar adalah bilangan yang mempresentasikan laju penularan penyakit oleh individu yang terinfeksi pada populasi rentan, biasa disebut threshold (ambang batas), dilambangkan dengan R_0 (Driessche, 2017).

Bilangan reproduksi dasar dari sistem persamaan diperoleh dengan menentukan nilai eigen matriks Jacobian yang dihitung pada titik kritis bebas penyakit dan titik kritis endemik. Kondisi yang terjadi dapat dibedakan menjadi 3 kondisi yaitu:

1. Ketika $R_0 < 1$, penyakit akan hilang dari populasi.
2. Ketika $R_0 = 1$, penyakit tidak hilang (menetap).
3. Ketika $R_0 > 1$, Penyakit akan terus meningkat menjadi wabah bahkan pandemic.

METODE

Jenis penelitian

Penelitian ini adalah studi literatur yang membahas tentang analisis matematika model Koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19. Pada penelitian ini ada beberapa eksperimen yang dilakukan terhadap penyusunan model, analisis titik kritis, analisis kestabilan, penentuan bilangan

reproduksi dasar, analisis bilangan reproduksi dasar dan simulasi numerik.

Rancangan Penelitian

Penelitian diawali dengan studi literatur, penyusunan asumsi dan pembuatan model epidemik. Selanjutnya dilakukan penentuan titik kesetimbangan, analisis titik kesetimbangan dan analisis kestabilan. Kegiatan yang dilakukan setelahnya adalah menentukan bilangan reproduksi dasar menggunakan NGM dan analisis bilangan reproduksi dsasar. Kegiatan akhir yang dilakukan adalah simulasi numerik sebagai justifikasi hasil perhitungan analitik dari model yang telah dibangun.

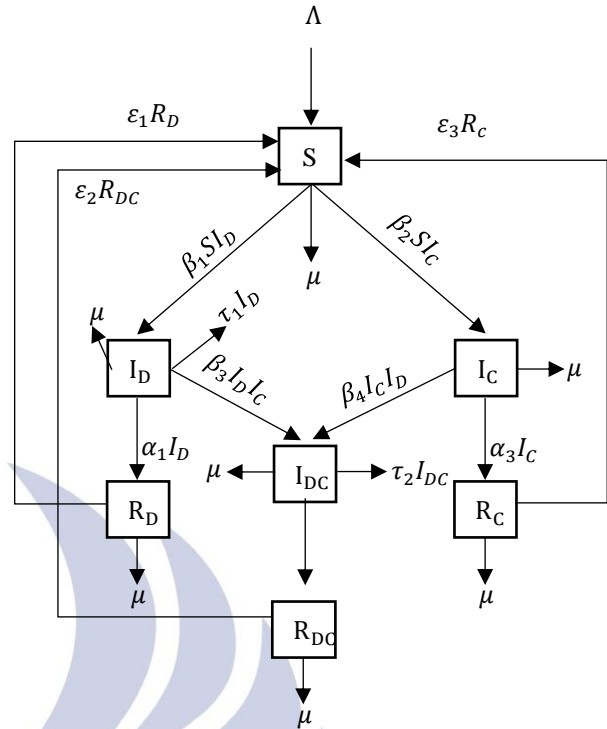
Sumber data penelitian

Tidak ada tahapan perolehan data primer di lapangan sehingga data yang digunakan merupakan data sekunder dari berbagai macam artikel, yang dimana artikel rujukan yang diperoleh adalah gabungan dari artikel yang membahas penyakit Difteri dan COVID-19.

PEMBAHASAN

Pemodelan Matematika

Model SIR menjadi dasar dalam membangun model koinfeksi penyakit Covid-19 dan difteri. Pada bagian awal dibangun kompartemen model seperti pada gambar 2.1. Populasi manusia dibagi menjadi 7 sub populasi yaitu S menyatakan sub-populasi orang sehat (susceptible), I_D menyatakan sub-populasi orang terinfeksi penyakit Difteri, I_C menyatakan sub-populasi orang terinfeksi Covid-19, I_{DC} menyatakan sub-populasi orang terinfeksi koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19, R_D menyatakan sub-populasi orang sembuh dari penyakit Difteri, R_C menyatakan sub-populasi orang sembuh dari Covid-19, R_{DC} menyatakan sub-populasi orang yang sembuh dari koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19. Sebelum Menyusun model, perlu adanya batasan atau asumsi, seperti a) populasi bersifat tertutup dan konstan (tidak terjadi migrasi), b) tingkat rekrutmen pada sub-populasi S adalah konstan, c) terjadi kematian natural di setiap sub-populasi, d) semua sub-populasi bercampur secara homogen, e) terdapat kematian yang diakibatkan oleh penyakit, f) terjadi re-infeksi.



Gambar 2.1 Model kompartemen koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19

Berdasarkan model kompartemen pada gambar 2.1, maka dapat dibentuk model matematika yaitu :

$$\dot{S} = \Lambda + \epsilon_1 R_D + \epsilon_2 R_{DC} + \epsilon_3 R_C - \beta_1 S I_D - \beta_1 S I_C - \mu S \quad (1)$$

$$\dot{I}_D = \beta_1 S I_D - \beta_3 I_D I_C - \alpha_1 I_D - \tau_1 I_D - \mu I_D \quad (2)$$

$$\dot{I}_C = \beta_2 S I_C - \beta_4 I_C I_D - \alpha_3 I_C - \mu I_C \quad (3)$$

$$\dot{I}_{DC} = \beta_4 I_C I_D + \beta_3 I_D I_C - \alpha_2 I_{DC} - \tau_2 I_{DC} - \mu I_{DC} \quad (4)$$

$$\dot{R}_D = \alpha_1 I_D - \epsilon_1 R_D - \mu R_D \quad (5)$$

$$\dot{R}_C = \alpha_3 I_C - \epsilon_3 R_C - \mu R_C \quad (6)$$

$$\dot{R}_{DC} = \alpha_2 I_{DC} - \epsilon_2 R_{DC} - \mu R_{DC} \quad (7)$$

dengan

- Λ : Tingkat rekrutmen
- β_1 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang sehat menjadi terinfeksi penyakit Difteri
- β_2 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang sehat menjadi terinfeksi Covid-19
- β_3 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang terinfeksi penyakit Difteri juga terinfeksi Covid-19
- β_4 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang terinfeksi Covid-19 juga terinfeksi penyakit Difteri
- α_1 : Tingkat transmisi dari orang terinfeksi penyakit Difteri menjadi sembuh
- α_2 : Tingkat transmisi dari orang terinfeksi penyakit Difteri juga terinfeksi Covid-19 menjadi sembuh
- α_3 : Tingkat transmisi dari orang terinfeksi penyakit Difteri menjadi sembuh
- τ_1 : Kematian akibat penyakit Difteri

- τ_2 : Kematian akibat koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19
 - ε_1 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang yang sembuh mengalami reinfeksi penyakit Difteri
 - ε_2 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang yang sembuh mengalami reinfeksi koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19
 - ε_3 : Tingkat transmisi dari sub-populasi orang yang sembuh mengalami reinfeksi Covid-19
 - μ : kematian alami
- Dengan Asumsi bahwa semua parameter bernilai positif

Tahap selanjutnya dengan membuat setiap sub-populasi (1) - (7) sama dengan nol, sehingga diperoleh 4 titik kesetimbangan sebagai berikut:

1. Titik kesetimbangan bebas penyakit (titik kritis 1)
Titik kritis 1 = $\left\{ S = \frac{\Lambda}{\mu}, I_C = 0, I_K = 0, I_{KC} = 0, R_C = 0, R_K = 0, R_{KC} = 0 \right\}$
2. Titik kesetimbangan endemik penyakit Difteri (titik kritis 2)
Titik kritis 2 = $\left\{ S = \frac{\mu + \alpha_1 + \tau_1}{\beta_1}, I_D = \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)(\mu + \varepsilon_1)}{\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1}\beta_1, I_C = 0, I_{DC} = 0, R_D = \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)\alpha_1}{\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1}\beta_1, R_C = 0, R_{DC} = 0 \right\}$
3. Titik kesetimbangan endemik Covid-19 (titik kritis 3)
Titik kritis 3 = $\left\{ S = \frac{\mu + \alpha_3}{\beta_2}, I_D = 0, I_C = \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)(\mu + \varepsilon_3)}{(\mu + \alpha_3 + \varepsilon_3)\mu\beta_2}, I_{DC} = 0, R_D = 0, R_C = \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)\alpha_3}{(\mu + \alpha_3 + \varepsilon_3)\mu\beta_2}, R_{DC} = 0 \right\}$
4. Titik kesetimbangan endemik koinfeksi Penyakit Difteri dan Covid-19 (titik kritis 4)
Titik kritis 4 = $\{ S = S^*, I_D = I_D^*, I_C = I_C^*, I_{DC} = I_{DC}^*, R_D = R_D^*, R_C = R_C^*, R_{DC} = R_{DC}^* \}$

Dari persamaan (1) - (7) diperoleh titik kritis 4 yang kompleks sehingga tidak memungkinkan untuk ditulis dalam artikel ini.

Salah satu hal terpenting dalam mempelajari model penularan penyakit adalah mengetahui posisi di mana penyakit akan tetap berada dalam populasi atau akan hilang dari populasi. Analisis endemik ini diperoleh dari adanya syarat terjadinya infeksi yang dilakukan melalui analisis titik kritis, analisis kestabilan dan analisis bilangan reproduksi dasar.

Analisis titik kritis

Syarat terjadinya infeksi diperoleh ketika populasi terinfeksi bernilai lebih dari 0. Ini akan terjadi ketika $I_D > 0, I_C > 0$, dan $I_{DC} > 0$.

Titik kesetimbangan endemik penyakit difteri akan eksis ketika:

$$I_D = \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)(\mu + \varepsilon_1)}{(\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1)\beta_1} > 0$$

Berdasarkan fakta bahwa setiap parameter bernilai positif maka syarat terjadinya infeksi difteri terpenuhi jika

$$\frac{\Lambda\beta_1}{\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\tau_1} > 1$$

Titik kesetimbangan endemik Covid-19 akan eksis ketika:

$$I_C = \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)(\mu + \varepsilon_3)}{(\mu + \alpha_3 + \varepsilon_3)\mu\beta_2} > 0$$

Berdasarkan fakta bahwa setiap parameter bernilai positif maka syarat terjadinya infeksi Covid-19 terpenuhi jika

$$\frac{\Lambda\beta_2}{\mu^2 + \mu\alpha_3} > 1$$

Analisis $I_{DC} > 0$ tidak dapat dilakukan karena kompleksitas bentuk persamaan untuk I_{DC} .

Analisis kestabilan

Dari persamaan (1) - (7) dan titik kesetimbangan bebas penyakit, diperoleh Matriks Jacobian sebagai berikut:

$$J_1 = \begin{pmatrix} 0 & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_3 & \varepsilon_2 \\ 0 & a_{22} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{33} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha_3 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha_2 & 0 & 0 & a_{77} \end{pmatrix}$$

dimana :

$$\begin{aligned} a_{12} &= -\frac{\Lambda\beta_1}{\mu} \\ a_{13} &= -\frac{\Lambda\beta_2}{\mu} \\ a_{22} &= \frac{\Lambda\beta_1}{\mu} - \mu - \alpha_1 - \tau_1 \\ a_{33} &= \frac{\Lambda\beta_2}{\mu} - \mu - \alpha_3 \\ a_{44} &= -\mu - \alpha_1 - \tau_1 \\ a_{55} &= -\mu - \varepsilon_1 \\ a_{66} &= -\mu - \varepsilon_3 \\ a_{77} &= -\mu - \varepsilon_2 \end{aligned}$$

Analisis kestabilan diperoleh dengan menganalisis nilai eigen pada titik kesetimbangan bebas penyakit. Dari matriks Jacobian diatas, diperoleh 7 nilai eigen sebagai berikut:

a. $\lambda_{01} = \frac{\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1}{\mu}$,

Nilai eigen λ_{01} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut

$$\frac{\Lambda\beta_1}{\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\tau_1} < 1$$

b. $\lambda_{02} = \frac{\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3}{\mu}$,

Nilai eigen λ_{02} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut.

$$\frac{\Lambda\beta_2}{\mu^2 + \mu\alpha_3} < 1$$

c. $\lambda_{03} = -\mu - \alpha_2 - \tau_2$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{03} akan selalu bernilai negatif.

d. $\lambda_{04} = -\mu - \varepsilon_1$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{04} akan selalu bernilai negatif.

e. $\lambda_{05} = -\mu - \varepsilon_3$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{05} akan selalu bernilai negatif.

f. $\lambda_{06} = -\mu - \varepsilon_2$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{06} akan selalu bernilai negatif.

g. $\lambda_{07} = 0$, Nilai eigen 0 akan selalu stabil

Titik kritis bebas penyakit akan stabil jika dipenuhi syarat untuk λ_{01} dan λ_{02} . Selanjutnya akan ditunjukkan analisis kestabilan dari endemik penyakit Difteri. Dari persamaan (1)-(7) dan titik kesetimbangan endemik penyakit Difteri, diperoleh Matriks Jacobian sebagai berikut.

$$J_2 = \begin{pmatrix} 0 & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_3 & \varepsilon_2 \\ 0 & 0 & a_{23} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{33} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{43} & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha_3 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha_2 & 0 & 0 & a_{77} \end{pmatrix}$$

Dimana:

$$a_{12} = -\mu - \alpha_1 - \tau_1$$

$$a_{13} = -\frac{(\mu + \alpha_1 + \tau_1)\beta_2}{\beta_1}$$

$$a_{23} = -\frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)(\mu + \varepsilon_1)\beta_3}{(\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1)\beta_1}$$

$$a_{33} = \frac{(\mu + \alpha_1 + \tau_1)\beta_2}{\beta_1} + \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)(\mu + \varepsilon_1)\beta_4}{(\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1)\beta_1} - \mu - \alpha_3$$

$$a_{43} = \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)(\mu + \varepsilon_1)\beta_3}{(\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1)\beta_1} +$$

$$\frac{(\Lambda\beta_1 - \mu^2 - \mu\alpha_1 - \mu\tau_1)(\mu + \varepsilon_1)\beta_4}{(\mu^2 + \mu\alpha_1 + \mu\varepsilon_1 + \mu\tau_1 + \varepsilon_1\tau_1)\beta_1}$$

$$a_{44} = -\mu - \alpha_2 - \tau_2$$

$$a_{55} = -\mu - \varepsilon_1$$

$$a_{66} = -\mu - \varepsilon_3$$

$$a_{77} = -\mu - \varepsilon_2$$

Selanjutnya untuk analisis stabilitasnya bisa diperoleh dengan cara menganalisis nilai eigen pada titik kritis endemik Difteri. Dari matriks Jacobian diatas, diperoleh 7 nilai eigen sebagai berikut:

a. $\lambda_{11} = -\mu - \varepsilon_2$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{11} akan selalu bernilai negatif

b. $\lambda_{12} = -\mu - \alpha_2 - \tau_2$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{12} akan selalu bernilai negatif

c. $\lambda_{13} = -\mu - \varepsilon_3$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{13} akan selalu bernilai negatif

d. $\lambda_{14} = -\mu - \varepsilon_1$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{14} akan selalu bernilai negatif

e. $\lambda_{15} = 0$, Nilai eigen 0 akan selalu stabil

f. $\lambda_{16} = 0$, Nilai eigen 0 akan selalu stabil

g. $\lambda_{17} = -\frac{1}{\mu\beta_2(\mu + \alpha_3 + \varepsilon_3)}(\Lambda\mu\beta_1\beta_4 + \Lambda\beta_1\beta_4\varepsilon_1 + \mu^3\beta_1 - \mu^3\beta_2 - \mu^3\beta_4 + \mu^2\alpha_1\beta_1 - 2\mu^2\alpha_1\beta_2 - \mu^2\alpha_1\beta_4 + \mu^2\alpha_3\beta_1 + \mu^2\beta_1\varepsilon_1 + \mu^2\beta_1\tau_1 - \mu^2\beta_2\varepsilon_1 - 2\mu^2\beta_2\tau_1 - \mu^2\beta_4\varepsilon_1 - \mu^2\beta_4\tau_1 - \mu\alpha_1^2\beta_1 + \mu\alpha_1\alpha_3\beta_1 - \mu\alpha_1\beta_2\varepsilon_1 - 2\mu\alpha_1\beta_2\tau_1 - \mu\alpha_1\beta_4\varepsilon_1 + \mu\alpha_3\beta_1\varepsilon_1 + \mu\alpha_3\beta_1\tau_1 + \mu\beta_1\varepsilon_1\tau_1 - 2\mu\beta_2\varepsilon_1\tau_1 - \mu\beta_2\tau_1^2 - \mu\beta_4\varepsilon_1\tau_1 - \alpha_1\beta_2\varepsilon_1\tau_1 - \alpha_3\beta_1\varepsilon_1\tau_1 - \beta_2\varepsilon_1\tau_1^2)$

Nilai eigen λ_{17} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut.

$$\frac{A}{B} < 1$$

$$A = \mu^3\beta_2 + \mu^3\beta_4 + 2\mu^2\alpha_1\beta_2 + \mu^2\alpha_1\beta_4 + \mu^2\beta_2\varepsilon_1 + 2\mu^2\beta_2\tau_1 + \mu^2\beta_4\varepsilon_1 + \mu^2\beta_4\tau_1 + \mu\alpha_1^2\beta_1 + \mu\alpha_1\beta_2\varepsilon_1 + 2\mu\alpha_1\beta_2\tau_1 + \mu\alpha_1\beta_4\varepsilon_1 + 2\mu\beta_2\varepsilon_1\tau_1 + \mu\beta_2\tau_1^2 + \mu\beta_4\varepsilon_1\tau_1 + \alpha_1\beta_2\varepsilon_1\tau_1 + \alpha_3\beta_1\varepsilon_1\tau_1 + \beta_2\varepsilon_1\tau_1^2$$

$$B = \Lambda\mu\beta_1\beta_4 + \Lambda\beta_1\beta_4\varepsilon_1 + \mu^3\beta_1 + \mu^2\alpha_1\beta_1 + \mu^2\alpha_3\beta_1 + \mu^2\beta_1\varepsilon_1 + \mu^2\beta_1\tau_1 + \mu\alpha_1\alpha_3\beta_1 + \mu\alpha_3\beta_1\varepsilon_1 + \mu\alpha_3\beta_1\tau_1 + \mu\beta_1\varepsilon_1\tau_1$$

Titik kritis difteri akan stabil jika dipenuhi syarat untuk λ_{17} . Selanjutnya akan ditunjukkan analisis kestabilan dari titik kesetimbangan endemik Covid-19, diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut:

$$J_3 = \begin{pmatrix} 0 & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_3 & \varepsilon_2 \\ 0 & a_{22} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & a_{32} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & a_{42} & 0 & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha_3 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha_2 & 0 & 0 & a_{77} \end{pmatrix}$$

Dimana:

$$\begin{aligned} a_{12} &= -\frac{(\mu+\alpha_3)\beta_1}{\beta_2} \\ a_{13} &= -\mu - \alpha_3 \\ a_{22} &= \frac{(\mu+\alpha_3)\beta_1}{\beta_2} - \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)(\mu+\varepsilon_3)\beta_3}{(\mu+\alpha_3+\varepsilon_3)\mu\beta_2} - \mu - \alpha_1 - \tau_1 \\ a_{32} &= -\frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)(\mu+\varepsilon_3)\beta_4}{(\mu+\alpha_3+\varepsilon_3)\mu\beta_2} \\ a_{42} &= \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)(\mu+\varepsilon_3)\beta_4}{(\mu+\alpha_3+\varepsilon_3)\mu\beta_2} + \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu^2 - \mu\alpha_3)(\mu+\varepsilon_3)\beta_4}{(\mu+\alpha_3+\varepsilon_3)\mu\beta_2} \\ a_{44} &= -\mu - \alpha_2 - \tau_2 \\ a_{55} &= -\mu - \varepsilon_1 \\ a_{66} &= -\mu - \varepsilon_3 \\ a_{77} &= -\mu - \varepsilon_2 \end{aligned}$$

Selanjutnya untuk analisis kestabilan bisa diperoleh dengan menganalisis nilai eigen pada titik kesetimbangan endemik Covid-19. Dari matriks Jacobian diatas, diperoleh 7 nilai eigen sebagai berikut:

- $\lambda_{21} = -\mu - \varepsilon_2$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{21} akan selalu bernilai negatif
- $\lambda_{22} = -\mu - \alpha_2 - \tau_2$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{22} akan selalu bernilai negatif
- $\lambda_{23} = -\mu - \varepsilon_3$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{23} akan selalu bernilai negatif
- $\lambda_{24} = -\mu - \varepsilon_1$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{24} akan selalu bernilai negatif
- $\lambda_{25} = 0$, Nilai eigen 0 akan selalu stabil
- $\lambda_{26} = 0$, Nilai eigen 0 akan selalu stabil
- $\lambda_{27} = -\frac{1}{\mu\beta_2(\mu+\alpha_3+\varepsilon_3)}(\Lambda\mu\beta_2\beta_3 + \Lambda\beta_2\beta_3\varepsilon_3 - \mu^3\beta_1 + \mu^3\beta_2 - \mu^3\beta_3 + \mu^2\alpha_1\beta_2 - 2\mu^2\alpha_3\beta_1 + \mu^2\alpha_3\beta_2 - \mu^2\alpha_3\beta_3 - \mu^2\beta_1\varepsilon_3 + \mu^2\beta_2\varepsilon_3 - \mu^2\beta_3\varepsilon_3 + \mu\alpha_1\alpha_3\beta_2 + \mu\alpha_1\beta_2\varepsilon_3 - \mu\alpha_3^2\beta_1 - \mu\alpha_3\beta_1\varepsilon_3 + \mu\alpha_3\beta_2\tau_1 - \mu\alpha_3\beta_3\varepsilon_3 + \mu\beta_2\varepsilon_3\tau_1)$

Nilai eigen λ_{27} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut.

$$\frac{P}{Q} < 1$$

$$\begin{aligned} P &= \mu^3\beta_1 + \mu^3\beta_3 + 2\mu^2\alpha_3\beta_1\beta_2 + \mu^2\alpha_3\beta_3 \\ &+ \mu^2\beta_1\varepsilon_3 + \mu\alpha_3^2\beta_1 + \mu\alpha_3\beta_1\varepsilon_3 + \mu\alpha_3\beta_3\varepsilon_3 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Q &= \Lambda\mu\beta_2\beta_3 + \Lambda\beta_2\beta_3\varepsilon_3 + \mu^3\beta_2 + \mu^2\alpha_1\beta_2 \\ &+ \mu^2\alpha_3\beta_2 + \mu^2\beta_2\varepsilon_3 + \mu\alpha_1\alpha_3\beta_2 + \\ &\mu\alpha_1\beta_2\varepsilon_3 + \mu\alpha_3\beta_2\tau_1 + \mu\beta_2\varepsilon_3\tau_1 \end{aligned}$$

Titik kritis Covid-19 akan stabil jika dipenuhi syarat untuk λ_{27} .

Bilangan reproduksi dasar

Menentukan Bilangan reproduksi dasar R_0 dari persamaan (1) - (7) dengan mencari nilai eigen dominan yang diperoleh dari *next generation matrix* (NGM). Terdapat matriks F berelemen \mathcal{F}_i yang menunjukkan tingkat individu baru yang terinfeksi penyakit. Persamaan untuk \mathcal{F}_i adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \mathcal{F}_1 &= \beta_1 S I_D - \beta_3 I_D I_C \\ \mathcal{F}_2 &= \beta_2 S I_C - \beta_4 I_C I_D \\ \mathcal{F}_3 &= \beta_4 I_C I_D + \beta_3 I_D I_C \end{aligned}$$

Maka diperoleh matriks Jacobi dari F sebaga berikut

$$F = \begin{bmatrix} \beta_1 S - \beta_3 I_C & -\beta_3 I_D & 0 \\ -\beta_4 I_C & \beta_2 S - \beta_4 I_D & 0 \\ \beta_3 I_C + \beta_4 I_C & \beta_3 I_D + \beta_4 I_D & 0 \end{bmatrix}$$

Selanjutnya terdapat matriks V berelemen \mathcal{V}_i yang menunjukkan matriks dari tingkat penurunan individu terinfeksi. Persamaan untuk \mathcal{V}_i adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \mathcal{V}_1 &= -\alpha_1 I_D - \tau_1 I_D - \mu I_D \\ \mathcal{V}_2 &= -\alpha_3 I_D - \mu I_C \\ \mathcal{V}_3 &= -\alpha_2 I_{DC} - \tau_2 I_{DC} - \mu I_{DC} \end{aligned}$$

Maka diperoleh matriks Jacobi dari V sebagai berikut

$$V = \begin{bmatrix} -\mu - \alpha_1 - \tau_1 & 0 & 0 \\ 0 & -\mu - \alpha_3 & 0 \\ 0 & 0 & -\mu - \alpha_2 - \tau_2 \end{bmatrix}$$

Sehingga *next generation matrix*-nya diperoleh

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

$$K = \begin{bmatrix} \frac{-\beta_1 S + \beta_3 I_C}{\mu + \alpha_1 + \tau_1} & \frac{-\beta_3 I_D}{\mu + \alpha_3} & 0 \\ \frac{-\beta_4 I_C}{\mu + \alpha_1 + \tau_1} & \frac{-\beta_2 S + \beta_4 I_D}{\mu + \alpha_3} & 0 \\ \frac{-\beta_3 I_C - \beta_4 I_C}{\mu + \alpha_1 + \tau_1} & \frac{-\beta_3 I_D - \beta_4 I_D}{\mu + \alpha_3} & 0 \end{bmatrix}$$

Perhitungan bilangan reproduksi dasar pada artikel ini hanya akan dilakukan pada kasus titik kritis bebas penyakit yaitu $\{S = \frac{\Lambda}{\mu}, I_C = 0, I_K = 0, I_{KC} = 0, R_C = 0, R_K = 0, R_{KC} = 0\}$. Substitusi titik kesetimbangan ini pada matriks K , sehingga diperoleh.

$$K = \begin{bmatrix} \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\mu + \alpha_1 + \tau_1)} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\mu + \alpha_3)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Selanjutnya menentukan nilai eigen dari K untuk menentukan bilangan reproduksi dasar, diperoleh

$$\lambda_1 = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\mu + \alpha_1 + \tau_1)}, \lambda_2 = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\mu + \alpha_3)}, \lambda_3 = 0$$

λ_1 dan λ_2 merupakan nilai eigen dominan sehingga diperoleh 2 bilangan reproduksi dasar yaitu $\lambda_1 = R_{01} = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\mu + \alpha_1 + \tau_1)}$ sebagai bilangan reproduksi dasar untuk penyakit difteri sedangkan $\lambda_2 = R_{02} = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\mu + \alpha_3)}$ sebagai bilangan reproduksi dasar untuk Covid-19.

Pada saat $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$ maka titik kritis bebas penyakit akan stabil, artinya kedua penyakit tersebut akan hilang dari populasi. Pada saat $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$ mengakibatkan titik kritis bebas penyakit tidak stabil. Kondisi $R_{01} > 1$ mengakibatkan penyakit difteri akan ditemukan pada populasi. Pada saat $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$ mengakibatkan titik kritis bebas penyakit tidak stabil. Kondisi $R_{02} > 1$ mengakibatkan penyakit Covid-19 akan ditemukan pada populasi.

Simulasi Numerik

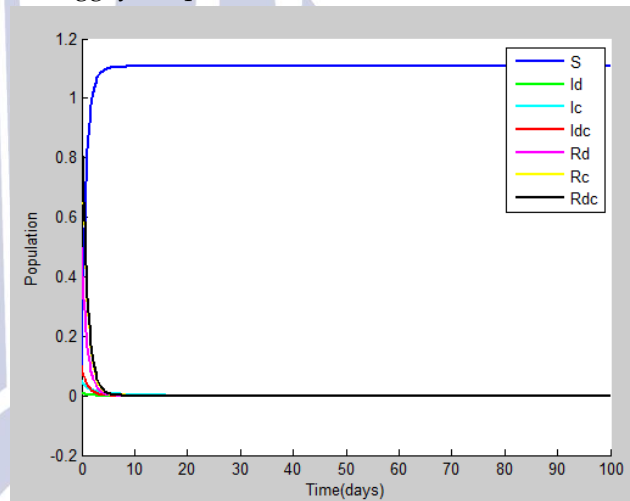
Simulasi numerik yang dilakukan dari model epidemik koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19 menggunakan program Matlab R2012b. Nilai parameter yang digunakan diambil dari berbagai macam referensi dan asumsi yang disajikan dalam tabel di bawah ini.

Tabel 4.1 Paramater dan nilai yang digunakan

Parameter	Nilai	Sumber
Λ	1	Asumsi
β_1	0.57 / hari	(Puspita dkk, 2017)
β_2	0.6594 / hari	(Ullah dan Khan, 2020)
β_3	0.04 / hari	Asumsi
β_4	0.045 / hari	Asumsi
α_1	0.5 / hari	(Puspita dkk, 2017)
α_2	0.0125 / hari	Asumsi

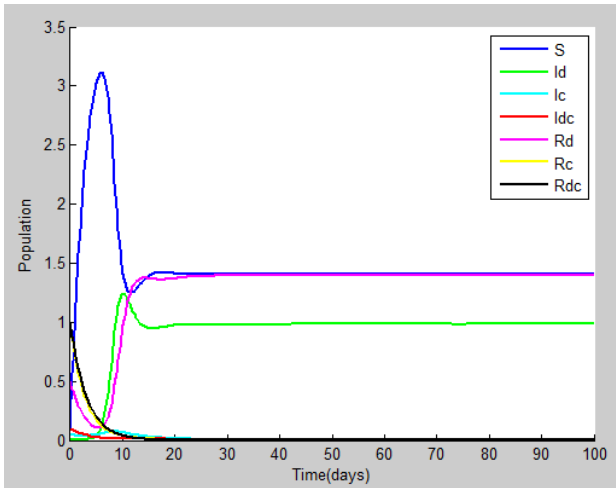
α_3	1/15	(Yang dan Wang, 2020)
τ_1	0.05	Asumsi
τ_2	0.005	Asumsi
ε_1	0.1 per hari	Asumsi
ε_2	0.71 per hari	Asumsi
ε_3	0.11 per hari	Asumsi
μ	0.901	Asumsi

Dengan nilai awal $S(0) = 0.1; I_D(0) = 0.01; I_C(0) = 0.05; I_{DC}(0) = 0.1; R_D(0) = 0.5; R_C(0) = 1; R_{DC} = 1$ dan semua nilai parameter pada tabel 4.1. Simulasi dilakukan dalam rentang waktu 100 hari. Pada penelitian ini telah dilakukan analisis sensitivitas yang menghasilkan parameter dengan sensitivitas tertinggi yaitu parameter



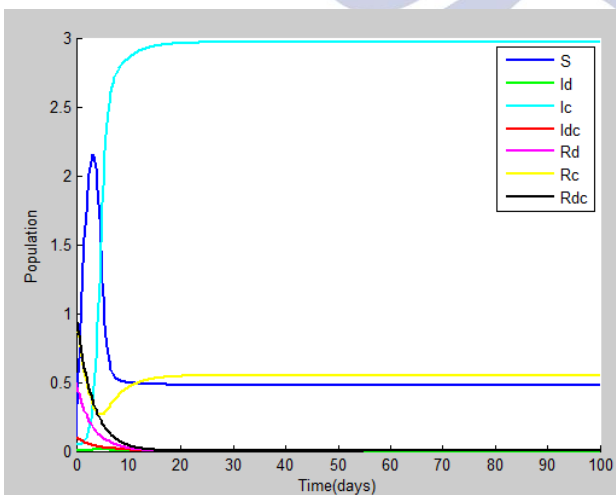
Gambar 4.1 Simulasi untuk titik kritis bebas penyakit pada $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$

Gambar 4.1 menunjukkan bahwa pada hari ke-10 dan seterusnya, populasi manusia yang terinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19 akan sembuh sehingga tidak ditemukan lagi kedua penyakit pada populasi manusia. Hasil ini menunjukkan eksistensi titik kritis bebas penyakit yang stabil. Semua sub-populasi akan menuju ke titik nol kecuali sub-populasi manusia rentan. Selanjutnya dengan memodifikasi nilai $\beta_2 = 0.1594$ akan menghasilkan simulasi seperti gambar 4.2.



Gambar 4.2 Simulasi untuk titik kritis difteri pada saat $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$

Gambar 4.2 menunjukkan bahwa pada hari ke-15 dan seterusnya, populasi manusia yang terinfeksi penyakit difteri akan tetap ditemukan di dalam populasi sedangkan populasi manusia yang terinfeksi penyakit Covid-19 akan sembuh atau dengan kata lain penyakit Covid-19 akan hilang dari populasi manusia. Hasil ini menunjukkan eksistensi titik kritis Difteri yang stabil. Semua sub-populasi akan menuju ke titik nol kecuali sub-populasi manusia rentan, sub-populasi manusia yang terinfeksi Difteri, dan sub-populasi manusia yang telah sembuh dari penyakit Difteri. Selanjutnya dengan memodifikasi nilai $\mu = 0.901$ akan menghasilkan simulasi seperti gambar 4.3.



Gambar 4.3 Simulasi untuk titik kritis Covid-19 pada saat $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$

Gambar 4.3 menunjukkan bahwa pada hari ke-5 dan seterusnya, populasi orang yang terinfeksi penyakit Difteri akan sembuh, artinya penyakit difteri tidak akan ditemukan lagi pada populasi. Sementara,

populasi manusia yang terinfeksi Covid-19 akan tetap ditemukan dalam populasi. Hasil ini menunjukkan eksistensi titik kritis Covid-19 yang stabil. Semua sub-populasi akan menuju ke titik nol kecuali sub-populasi manusia rentan, sub-populasi manusia yang terinfeksi Covid-19, dan sub-populasi manusia yang telah sembuh dari penyakit Covid-19.

Hasil penelitian yang diperoleh ini lebih baik jika dibandingkan dengan hasil penelitian dari (Artiono dkk, 2020) jika ditinjau dari model yang dihasilkan dan analisis dinamik yang dilakukan. Pada model yang dihasilkan telah dilakukan analisis terhadap eksistensi titik kritis bebas penyakit, titik kritis Difteri, dan titik kritis Covid-19. Meskipun titik kritis koinfeksi Difteri dan Covid-19 yang bentuknya kompleks telah dapat dihasilkan Pada penelitian ini, juga telah dihasilkan 2 bilangan reproduksi dasar yang menjadi syarat eksistensi penyakit Difteri dan penyakit Covid-19 pada populasi.

PENUTUP SIMPULAN

Penelitian ini telah menghasilkan model koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19. Model dibangun berdasarkan karakteristik dari masing-masing penyakit seperti, penyebaran melalui *droplet*, gejala penyakit, dan proses penyembuhan (*recovery*).

Berdasarkan hasil pembahasan, diperoleh 4 titik kritis yaitu titik kritis bebas penyakit, titik kritis penyakit Difteri, titik kritis Covid-19 dan titik kritis endemik koinfeksi penyakit Difteri dan Covid-19. Dengan menggunakan *next generation matrix*, terdapat 2 bilangan reproduksi dasar yaitu $R_{01} = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\mu+\alpha_1+\tau_1)}$ sebagai bilangan reproduksi dasar untuk infeksi penyakit difteri, dan $R_{02} = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu^2+\mu\alpha_3}$ sebagai bilangan reproduksi dasar untuk infeksi Covid-19. Pada saat $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$ maka titik kritis bebas penyakit akan stabil, artinya untuk periode waktu tertentu kedua penyakit akan hilang dari populasi. Pada saat $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$ maka titik kritis bebas penyakit menjadi tidak stabil dan ini berarti bahwa penyakit difteri akan ada di dalam populasi, sementara ketika $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$ maka penyakit Covid-19 akan ada di dalam populasi. Hasil

ini didukung oleh simulasi numerik yang menunjukkan ketiga titik kritis.

SARAN

Untuk penelitian selanjutnya disarankan perlu mempertimbangkan pembagian kasus OTG, ODP dan PDP sehingga pembahasan mengenai kasus koinfeksi difteri dan Covid-19 lebih luas lagi dan hasil yang diperoleh lebih mendekati kondisi sesungguhnya di masyarakat.

DAFTAR PUSTAKA

- Artiono, R., Prawoto, B. P., Hidayat, D., Yunianti, D. N., & Astuti, Y. P. 2020. *The dynamics of COVID-19: the effect of large-scale social restrictions*. Commun. Math. Biol. Neurosci., 2020, Article-ID.
- Anton, H dan Rorres, C. 2004. *Aljabar Linier Elementer: Versi Aplikasi*. Edisi 8. Jilid I. Terjemahan Refina Indriasari dan Irzam Harmein. Jakarta: Erlangga
- Chakraborty, C., Sharma, A. R., Bhattacharya, M., Sharma, G., & Lee, S. S. 2020. *The 2019 novel coronavirus disease (COVID-19) pandemic: A zoonotic prospective*. Asian Pacific Journal of Tropical Medicine, 13(6), 242.
- Choe, S., Bennett, M. J., Fujii, G., Curmi, P. M., Kantardjieff, K. A., Collier, R. J., & Eisenberg, D. 1992. *The crystal structure of diphtheria toxin*. Nature, 357(6375), 216-222.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., Roberts, M. G.. 2009. "The Construction of Generation Matrices for Compartmental Epidemic Models." *Journal of The Royal Society*, 873-885.
- Edwards, C. H., Penney, D. E., & Calvis, D. 2000. *Elementary differential equations* (Vol. 6). Prentice Hall.
- Ladas, N. F. 1982. *An Introduction to Differential Equations*.
- Hurwitz, E. L., & Morgenstern, H. 2000. *Effects of diphtheria-tetanus-pertussis or tetanus vaccination on allergies and allergy-related respiratory symptoms among children and adolescents in the United States*. Journal of manipulative and physiological therapeutics, 23(2), 81-90
- Kemenkes RI. 2018. *PEDOMAN PENCEGAHAN DAN PENGENDALIAN DIFTERI*. di (<http://sehatnegeriku.kemkes.go.id/wp-content/uploads/2018/01/buku-pedoman-pencegahan-dan-penanggulangan-difteri.pdf>) diakses pada tanggal 19 November, 2020.
- Kemenkes RI. 2020. *PEDOMAN PENCEGAHAN DAN PENGENDALIAN CORONA VIRUS DISEASE (COVID-19)*. Di (https://covid19.go.id/storage/app/media/Protokol/REV-05_Pedoman_P2_COVID-19_13_Juli_2020.pdf) diakses pada tanggal 19 November, 2020
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. 1927. *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character, 115(772), 700-721.
- Lai, C. C., Shih, T. P., Ko, W. C., Tang, H. J., & Hsueh, P. R. 2020. *Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and corona virus disease-2019 (COVID-19): the epidemic and the challenges*. International journal of antimicrobial agents, 105924.
- Lechien, J. R., Chiesa-Estomba, C. M., Place, S., Van Laethem, Y., Cabaraux, P., Mat, Q., & Barillari, M. R. 2020. *Clinical and epidemiological characteristics of 1,420 European patients with mild-to-moderate coronavirus disease 2019*.
- Linton, N. M., Kobayashi, T., Yang, Y., Hayashi, K., Akhmetzhanov, A. R., Jung, S. M., & Nishiura, H. 2020. *Incubation period and other epidemiological characteristics of 2019 novel coronavirus infections with right truncation: a statistical analysis of publicly available case data*. Journal of clinical medicine, 9(2), 538.
- Liu, Y., Gayle, A. A., Wilder-Smith, A., & Rocklöv, J. 2020. *The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus*. Journal of travel medicine.
- Lu, J., Gu, J., Li, K., Xu, C., Su, W., Lai, Z., ... & Yang, Z. 2020. *COVID-19 outbreak associated with air conditioning in restaurant, Guangzhou, China, 2020*. Emerging infectious diseases, 26(7), 1628.
- Murphy, J. R. 1996. *Corynebacterium Diphtheriae: Diphtheria Toxin Production*. Baron S, et al. Medical Microbiology (4th ed.). Galveston, Texas: Univ. of Texas Medical Branch.
- Neuhauser, C., & Roper, M. L. 2004. *Calculus for biology and medicine*. Upper Saddle River: Pearson.
- Finizio, N. dan Ladas, G. 1988. *Penerapan Diferensial Biasa dengan Penerapan Modern*. Terjemahan Widiarti Santoso. Jakarta: Erlangga.

- Pappenheimer Jr, A. M., & Murphy, J. 1983. *Studies on the molecular epidemiology of diphtheria*. The Lancet, 322(8356), 923-926.
- Puspita, G., Kharis, M., & Supriyono, S. 2017. PEMODELAN MATEMATIKA PADA PENYEBARAN PENYAKIT DIFTERI DENGAN PENGARUH KARANTINA DAN VAKSINASI. Unnes Journal of Mathematics, 6(1), 25-35.
- Santos, L. S., Sant'Anna, L. O., Ramos, J. N., Ladeira, E. M., Stavracakis-Peixoto, R., Borges, L. L. G., ... & Hirata, R. 2015. *Diphtheria outbreak in Maranhão, Brazil: microbiological, clinical and epidemiological aspects*. Epidemiology & Infection, 143(4), 791-798.
- Tadolini, M., García-García, J. M., Blanc, F. X., Borisov, S., Goletti, D., Motta, I., ... & Migliori, G. B. 2020. *On tuberculosis and COVID-19 co-infection*. European Respiratory Journal, 56(2).
- Truelove, S. A., Keegan, L. T., Moss, W. J., Chaisson, L. H., Macher, E., Azman, A. S., & Lessler, J. 2020. *Clinical and epidemiological aspects of diphtheria: a systematic review and pooled analysis*. Clinical Infectious Diseases, 71(1), 89-97.
- Ullah, S., & Khan, M. A. 2020. *Modeling the impact of non-pharmaceutical interventions on the dynamics of novel coronavirus with optimal control analysis with a case study*. Chaos, Solitons & Fractals, 139, 110075.
- Van den Driessche, P. 2017. Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling*, 2(3), 288-303.
- Wagner, K. S., White, J. M., Lucenko, I., Mercer, D., Crowcroft, N. S., Neal, S., ... & Diphtheria Surveillance Network. 2012. *Diphtheria in the postepidemic period, Europe, 2000–2009*. Emerging infectious diseases, 18(2), 217.
- WHO. 2020. *Covid-19 Weekly epidemiological update*. Di <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---17-november-2020> (diakses pada 22 November 2020)
- World Health Organization. 2017. *Summary of key points WHO position paper on vaccines against diphtheria*. (diakses pada 26 November 2020). Available from: http://www.who.int/immunization/policy/position_papers/diphtheria_presentation.pdf?ua=1
- Yang, C., & Wang, J. 2020. *A mathematical model for the novel coronavirus epidemic in Wuhan, China*. Mathematical biosciences and engineering: MBE, 17(3), 2708.