

MODEL MATEMATIKA PENULARAN PENYAKIT COVID-19 DENGAN PENERAPAN VAKSINASI DUA DOSIS: STUDI KASUS DI SIDOARJO, INDONESIA

Moch. Faisal Alam

Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : moch.18029@mhs.unesa.ac.id

Abadi

Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : abadi@unesa.ac.id

Abstrak

Penyakit COVID-19 masih menjadi pandemi di Indonesia pada tahun 2021, khususnya di Sidoarjo. Coronavirus (CoV) adalah keluarga besar virus zoonosis, yaitu ditularkan dari hewan ke manusia, dan menyebabkan gejala mulai dari flu biasa hingga penyakit yang lebih serius. Salah satu upaya dalam mengendalikan penularan penyakit COVID-19 yaitu adanya vaksinasi. Vaksinasi dilakukan dua kali sehingga diperoleh lima kompartemen yaitu individu rentan (S), individu yang telah vaksinasi pertama (V_1), individu yang telah vaksinasi kedua (V_2), individu terinfeksi (I), individu sembuh (R). Tujuan dari penelitian ini adalah memodelkan penularan penyakit COVID-19 dengan penerapan vaksinasi dua dosis dengan menggunakan model SV_1V_2IR . Pada penelitian ini telah dapat ditentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik sistem yang selanjutnya ditentukan kestabilannya dengan analisis nilai eigennya. Selanjutnya, dengan menggunakan algoritma genetika dilakukan estimasi parameter dan nilai awal sistem untuk keperluan simulasi sistem. Dari model matematika tersebut, diperoleh bilangan reproduksi dasar (R_0). Jika $R_0 < 1$, maka diperoleh kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit. Jika $R_0 > 1$, maka diperoleh kestabilan titik kesetimbangan endemik. Estimasi parameter dan nilai awal dilakukan dalam dua periode yaitu pada bulan Juli 2021 dan bulan Oktober 2021. Dari simulasi yang dilakukan, diperoleh bahwa pada periode bulan Juli 2021 $R_0 > 1$. Hal ini sesuai dengan keadaan sesungguhnya bahwa pada periode bulan Juli 2021 terjadi peningkatan penularan COVID-19. Pada bulan Oktober 2021 $R_0 < 1$, hal ini sesuai dengan keadaan sesungguhnya bahwa pada periode Oktober penularan COVID-19 sudah melandai.

Kata Kunci: model matematika, COVID-19, vaksinasi, algoritma genetika.

Abstract

The COVID-19 disease is still a pandemic in Indonesia, especially in Sidoarjo in 2021. Coronaviruses (CoV) are a large family of zoonotic viruses, which are transmitted from animals to humans, and cause symptoms ranging from the common cold to more serious illnesses. One of the efforts to control the transmission of COVID-19 is vaccination. Vaccination was carried out twice so that five compartments were obtained, namely susceptible individuals (S), individuals who had the first vaccination (V_1), individuals who had the second vaccination (V_2), infected individuals (I), and recovered individuals (R). The purpose of this study was to model the transmission of COVID-19 disease with the application of two-dose vaccination using the SV_1V_2IR model. In this study, it has been determined the point of disease-free equilibrium and the endemic equilibrium point of the system which is further determined by its stability with the analysis of its eigenvalues. Furthermore, by using a genetic algorithm, parameters and initial values of the system are estimated for system simulation purposes. From the mathematical model, the basic reproduction number (R_0) is obtained. If $R_0 < 1$, then a disease-free equilibrium point is obtained. If $R_0 > 1$, then the stability of the endemic equilibrium point is obtained. Parameter estimation and initial values were carried out in two periods, namely in July 2021 and October 2021. From the simulations carried out, it was found that in the period July 2021 $R_0 > 1$. This is in accordance with the actual situation that in the period of July 2021 there was an increase in the transmission of COVID-19. In October 2021 $R_0 < 1$, this is in accordance with the actual situation that in the October period the transmission of COVID-19 had decreased.

Keywords: mathematical model, COVID-19, vaccination, genetic algorithms.

PENDAHULUAN

Pandemi COVID-19 merupakan salah satu infeksi penyakit yang sangat darurat dimana terjadi pertama kali pada bulan Desember 2019 di China dan dengan cepat menyebar ke negara lain (Zhu et al., 2020). Coronavirus (CoV) adalah keluarga besar virus zoonosis, yaitu virus yang menular ke manusia melalui hewan dan mengakibatkan tanda-tanda penyakit mulai dari flu sampai penyakit yang lebih serius seperti *Middle East Respiratory Syndrome* (MERS) yang menular ke manusia melalui unta dan *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS) yang menular ke manusia melalui musang. Beberapa virus corona yang diketahui belum menginfeksi manusia beredar di beberapa hewan (WHO, 2021). Jenis virus corona baru adalah jenis SARS-CoV-2 dimana menyebabkan gejala pernapasan, demam, batuk, dan sesak nafas (Ge et al., 2020).

Negara-negara di seluruh dunia mengintensifkan upaya mereka untuk memerangi COVID-19 yang muncul pertama kali di kota Wuhan di China. Di seluruh dunia telah terjadi lebih dari 1,5 juta kasus, sebagian besar di Amerika Serikat, Italia, Spanyol, dan Cina. Seorang pria dari Wuhan meninggal di Filipina pada 2 Februari, dan Hong Kong melaporkan kematian pertama pada 4 Februari. Infeksi sekarang lebih luas daripada epidemi *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS) pada tahun 2002-2003, yang berasal dari China, dalam hal orang yang terkena dampak dan kematian (Wang et al., 2020).

Menurut Vynnycky dan White (2012), ketika organisme yang lebih kecil (agen infeksi) menyerang organisme yang lebih besar (inang), infeksi terjadi. Apakah infeksi itu menyebabkan lebih banyak kerugian daripada kebaikan bagi organisme yang terinfeksi tergantung pada jenis infeksinya. Secara umum, ada dua kategori besar yang menggambarkan berbagai jenis agen infeksi yang mampu masuk dan menginfeksi inang, mikroparasit dan makroparasit. Infeksi ditularkan melalui transmisi. Penularan infeksi ini dimungkinkan melalui berbagai mekanisme, termasuk kontak, melalui udara, fekal-oral, kontak seksual, atau melalui vektor serangga. Jika transmisi infeksi individu sukses terjadi pada individu lain maka dinamakan dengan "kontak". Memahami cara penularan agen infeksi penting untuk menentukan strategi pengendalian dan pengurangan infeksi (Dougherty, Smith, Carson, &

Ogden, 2021). Salah satu cara untuk mempelajari fenomena penularan penyakit adalah pemodelan matematika (Ivorra, Ferrández, Vela-pérez, & Ramos, 2020; Pandey, Mubayi, & Medlock, 2013). Pemodelan efektif untuk mengurangi penyebaran penyakit, meskipun hasilnya tidak akurat 100% namun model ini dapat diterapkan sebagai acuan untuk mengambil keputusan (Giordano, Fox, & Horton, 2000).

Pemodelan matematika adalah salah satu solusi yang dapat menjawab semua pertanyaan mengenai kapan berhentinya wabah penyakit atau bagaimana pengendaliannya. Tidak adanya vaksin atau antivirus untuk COVID-19, penerapan intervensi non-narkoba yang efektif, seperti perlindungan pribadi dan pengucilan sosial, sangat penting dalam mengendalikan epidemi (Zakary, Rachik, & Elmouki, 2017). Dari sudut pandang sumber daya tambahan untuk memerangi epidemi, pemodelan matematika dapat berguna dalam membuat prakiraan untuk kasus yang diumumkan. Harapan ini dapat mencakup perkiraan beban penyakit yang dapat membantu memandu pejabat kesehatan masyarakat dalam mempersiapkan perawatan medis dan sumber daya lain yang diperlukan untuk memerangi epidemi (Brauer, Castillo-Chavez, & Feng, 2019). Prediksi juga dapat memandu tingkat keparahan dan jenis intervensi yang diperlukan untuk mengurangi epidemi (Zakary, Bidah, Rachik, & Ferjouchia, 2020).

Kebanyakan model matematika dilakukan dengan analisis kualitatif untuk melihat bagaimana penyelesaian, tetapi ada pula yang telah melakukan estimasi parameter model. *Paper* ini mempelajari pemodelan matematika yang berkaitan dengan pengaruh penerapan vaksinasi dua dosis terhadap penularan COVID-19 di Sidoarjo. Melalui model matematika tersebut, prediksi mengenai penyebaran dan efektivitas strategi penanganan dapat dilakukan.

KAJIAN TEORI

Vaksinasi dan Perannya dalam Model Penyebaran Penyakit

Model matematika menjadi bagian yang signifikan dalam menganalisis pengendalian dan penyebaran penyakit menular. Salah satu strategi yang dapat mengendalikan penyakit menular adalah vaksinasi (Ishikawa, 2012).

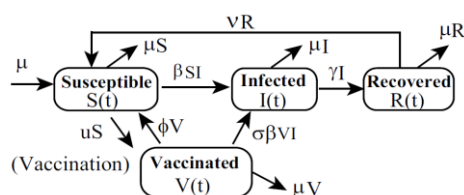
Vaksin yang efektif dapat melindungi individu yang rentan terhadap kemungkinan infeksi.

Imunisasi individu yang rentan pada fase awal wabah penyakit dapat mengurangi jumlah awal individu yang rentan (Li, 2018). Untuk imunisasi dasar, strategi dua dosis dianjurkan untuk mengantisipasi individu yang kekebalan tubuhnya tidak meningkat setelah dosis pertama (Abadi, Fakhrudin, Artiono, & Prawoto, 2021).

Model SVIR dan Modifikasinya

Menurut Ishikawa, populasi dibedakan menjadi empat kompartemen yaitu individu yang rentan (S), individu yang telah vaksinasi (V), individu yang terinfeksi (I), dan individu yang sembuh (R).

Berdasarkan Gambar 1, β menunjukkan laju penularan, μ laju kematian, γ laju kesembuhan, v laju menurunnya imunitas, u laju vaksinasi, ϕ laju memudarnya vaksinasi dan σ efikasi vaksinasi.



Gambar 1. Grafik Kompartemen SVIR

Perbedaan model SV_1V_2IR dengan model SVIR di atas adalah kompartemen V yang dikembangkan menjadi dua dosis vaksinasi V_1 dan V_2 . Selain itu, parameter σ dihilangkan serta mengganti u menjadi tingkat efektivitas vaksin dan ϕ dengan menjadi tingkat penurunan efektivitas vaksin.

Berdasarkan Kitano (2019), terdapat dua dosis vaksinasi pada model SV_1V_2EICR . Model tersebut dibagi menjadi tujuh kompartemen yaitu *susceptible*, *first vaccination*, *second vaccination*, *exposed*, *infected*, *complication*, dan *recovered*. Jika kekebalan individu rentan meningkat akibat dosis pertama, maka diasumsikan telah pindah ke V_1 . Jika dosis kedua berhasil meingkatkan status kekebalan mereka, mereka pindah ke V_2 .

Penerapan Algoritma Genetika dalam Model Epidemiologi

Algoritma genetika merupakan teknik pencarian dan optimasi yang sesuai dengan prinsip-prinsip genetika dan seleksi alam (Haupt & Haupt, 2004). Algoritma genetika digunakan untuk masalah sistem dinamik dan menerapkan metodenya untuk beberapa analisis data dan masalah prediksi (Mitchell, 1998). Salah satu masalah yang dapat

diselesaikan yaitu penentuan parameter pada model epidemiologi.

Langkah-langkah algoritma genetika dijabarkan sebagai berikut.

1. Menginisialisasi populasi sebanyak m individu.
2. Mengevaluasi nilai *fitness* setiap individu. Nilai *fitness* dapat menggunakan nilai *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE) (Darmawati, Nur, & Nur, 2019).
3. Menyeleksi induk dari populasi yang sesuai dengan nilai *fitness*.
4. Melakukan *crossover* induk yang menghasilkan keturunan baru. Jika tidak terjadi *crossover*, maka keturunan yang baru adalah duplikat dari induknya.
5. Mutasi keturunan baru serta menempatkan keturunan baru pada populasi yang baru.
6. Menggunakan populasi baru yang diperoleh untuk mengulang kembali langkah ke-2.

Langkah-langkah tersebut akan berhenti jika mendapatkan hasil yang optimal atau sampai n iterasi (Sivanandam & Deepa, 2008).

Gen adalah langkah awal untuk membangkitkan algoritma genetika. Gen menggambarkan variabel permasalahan yang solusinya digambarkan dengan kromosom (individu). Kromosom yaitu barisan dari kumpulan gen (Sivanandam & Deepa, 2008).

Kumpulan dari kromosom disebut juga populasi. Nilai fungsi obyektif dan fenotip yang diperoleh dari kromosom disebut *Fitness*.

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah ukuran potensi adanya kasus baru penularan penyakit pada suatu populasi. Secara matematis, R_0 merupakan ambang batas stabilitas ekuilibrium bebas penyakit serta terkait dengan puncak dan ukuran akhir epidemi (Brauer, van den Driessche, & Wu, 1945). Bilangan reproduksi dasar (R_0) didefinisikan sebagai jumlah yang diperlukan dari infeksi sekunder yang didapatkan oleh kasus indeks pada populasi yang rentan. Jika $R_0 < 1$, maka beberapa individu terinfeksi yang dimasukkan ke dalam populasi yang rentan, rata-rata akan gagal untuk menularkan, dan penyakit tidak akan menyebar. Sebaliknya, jika $R_0 > 1$, maka jumlah individu terinfeksi akan semakin tinggi setiap generasi serta penyakit akan menyebar.

METODE

Pada proses penelitian, perlu menggunakan beberapa metode untuk mencapai tujuan penelitian.

1. Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan

• Analisis Nilai Eigen

Kestabilan titik keseimbangan bertujuan untuk mengetahui apakah solusi dari sistem persamaan diferensial menuju titik keseimbangan dalam jangka waktu yang panjang. Analisis titik keseimbangan dapat dilakukan dengan cara linierisasi sistem persamaan diferensial. Linierisasi digunakan untuk mengubah sistem persamaan diferensial nonlinier menjadi sistem persamaan diferensial linier dengan menggunakan matriks Jacobian (Perko, 2001). Dengan mensubstitusi titik keseimbangan ke matriks Jacobian dan menggunakan persamaan karakteristik $\det(\lambda I - J) = 0$, dimana J matriks Jacobian, diperoleh nilai eigen yang dinotasikan sebagai λ . Titik keseimbangan dikatakan stabil asimtotik apabila semua nilai eigen memiliki bagian riil negatif.

• Kriteria Routh Hurwitz

Apabila nilai eigen sulit untuk ditentukan, maka kestabilan titik keseimbangan dapat diselesaikan dengan metode kriteria Routh Hurwitz. Kriteria Routh Hurwitz diperlukan dalam menentukan tanda bagian riil dari akar persamaan karakteristik tanpa terlebih dahulu mencari akar persamaan karakteristik. Jika kasusnya beraturan, kriteria Routh Hurwitz menyatakan bahwa jumlah akar bagian kanan bidang dari polinomial sama dengan jumlah perubahan tanda pada elemen kolom pertama (Bodson, 2020). Akar-akar dari persamaan karakteristik $\lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \dots + a_{n-1}\lambda + a_n = 0$ memiliki bagian riil negatif jika dan hanya jika semua determinan dari matriks Routh Hurwitz bernilai positif (Merkin, 1997). Sistem dikatakan stabil apabila seluruh koefisien persamaan karakteristik bernilai positif dan seluruh elemen pada kolom pertama bernilai positif.

2. Next Generation Matrix

Metode ini dilakukan untuk menentukan bilangan reproduksi dasar. Langkah awal dalam menentukan bilangan reproduksi dasar yaitu melinierisasi subsistem terinfeksi (i) menjadi matriks Jacobian (J) dan substitusi titik keseimbangan bebas penyakit ke matriks J . Kemudian menentukan matriks transmisi (F) dan matriks transisi (V) dengan dekomposisi matriks J . Langkah terakhir yaitu mencari akar karakteristik terbesar dari FV^{-1} (Manaqib, Azizah, Hartati S., Pratiwi, & Maulana, 2021).

3. Algoritma Genetika

Algoritma genetika digunakan untuk mengestimasi nilai parameter dan nilai awal yang nantinya digunakan dalam simulasi numerik. Proses algoritma genetika dilakukan dengan bantuan aplikasi MATLAB.

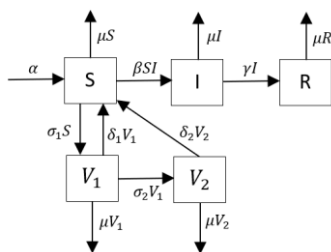
Prosedur tindak lanjut pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Melakukan studi literatur yang diperoleh dari berbagai jurnal, artikel maupun buku yang memuat tentang penularan penyakit COVID-19 dan algoritma genetika.
2. Mengumpulkan data sekunder yang berkaitan dengan penderita COVID-19.
3. Menentukan batasan permasalahan dan memodelkan penularan COVID-19 dengan penerapan vaksinasi dua dosis.
4. Melakukan analisis pada model matematika dengan cara menentukan titik keseimbangan, menganalisis kestabilan setiap titik keseimbangan, dan menetapkan bilangan reproduksi dasar dengan menggunakan *Next Generation Matrix*.
5. Menentukan nilai parameter dan nilai awal model matematika penularan penyakit COVID-19 dengan penerapan vaksinasi baik menggunakan rumus maupun algoritma genetika pada aplikasi MATLAB.
6. Melakukan simulasi numerik dari model matematika penularan penyakit COVID-19 dengan penerapan vaksinasi menggunakan aplikasi MATLAB.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Penyusunan model matematika penularan COVID-19 dengan penerapan vaksinasi dua dosis

dapat diklasifikasikan menjadi lima kompartemen yang terdiri dari kompartemen *susceptible* meliputi individu yang rentan dinotasikan dengan S , kompartemen *infected* meliputi individu yang terinfeksi dinotasikan dengan I , kompartemen *recovered* meliputi individu yang telah sembuh dinotasikan dengan R , kompartemen *first vaccination* meliputi individu yang sudah mendapatkan vaksinasi pertama dinotasikan dengan V_1 , dan kompartemen *second vaccination* meliputi individu yang sudah mendapatkan vaksinasi kedua dinotasikan dengan V_2 . Konstruksi model matematika diawali dengan menyusun batasan atau asumsi sebagai berikut: (1) individu rentan terdiri dari individu yang berpotensi terinfeksi termasuk yang baru lahir, (2) hanya terdapat penyakit COVID-19 pada populasi, (3) individu berpotensi tertular penyakit COVID-19 dengan kontak langsung, (4) vaksinasi pertama dan kedua belum bekerja dengan baik sehingga individu belum sepenuhnya kebal terhadap penyakit COVID-19, (5) terdapat kematian alami, (6) individu yang sembuh dinyatakan kebal terhadap penyakit COVID-19. Model matematika SV_1V_2IR terdapat 5 kompartemen: (1) kompartemen S merupakan individu rentan terhadap penyakit COVID-19, (2) kompartemen I merupakan individu terinfeksi serta dapat menularkan ke individu lain, (3) kompartemen R merupakan individu yang sembuh dari penyakit COVID-19, (4) kompartemen V_1 yaitu individu rentan yang telah melakukan vaksinasi pertama, dan (5) kompartemen V_2 yaitu individu rentan yang telah melakukan vaksinasi kedua. Diagram transfer model SV_1V_2IR sebagai berikut.



Gambar 2. Diagram Kompartemen SV_1V_2IR
Berdasarkan model SV_1V_2IR diperoleh parameter sebagai berikut:

Tabel 1. Parameter

Parameter	Keterangan	Syarat
α	Laju kelahiran	$\alpha > 0$
β	Laju penularan penyakit COVID-19	$\beta > 0$

γ	Laju kesembuhan dari penyakit COVID-19	$\gamma > 0$
μ	Tingkat kematian alami	$\mu > 0$
σ_1	Tingkat kemanjuran vaksinasi pertama	$\sigma_1 > 0$
σ_2	Tingkat kemanjuran vaksinasi kedua	$\sigma_2 > 0$
δ_1	Laju individu yang telah vaksin pertama menjadi rentan kembali	$\delta_1 > 0$
δ_2	Laju individu yang telah vaksin kedua menjadi rentan kembali	$\delta_2 > 0$

Berdasarkan diagram transfer di atas, dapat dirumuskan model SV_1V_2IR dalam persamaan diferensial berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \alpha N - \frac{\beta SI}{N} - \sigma_1 S + \delta_1 V_1 + \delta_2 V_2 - \mu S, \\ \frac{dV_1}{dt} &= \sigma_1 S - \delta_1 V_1 - \sigma_2 V_1 - \mu V_1, \\ \frac{dV_2}{dt} &= \sigma_2 V_1 - \delta_2 V_2 - \mu V_2, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I - \mu I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R,\end{aligned}$$

dimana $N = S + V_1 + V_2 + I + R$ dengan nilai awal $S(0) \geq 0, V_1(0) \geq 0, V_2(0) \geq 0, I(0) \geq 0$, dan $R(0) \geq 0$.

Sistem di atas bisa disederhanakan dengan cara menghitung proporsi untuk setiap kompartemen. Proporsi untuk setiap kompartemen bisa dinyatakan sebagai berikut:

$$s = \frac{S}{N}, v_1 = \frac{V_1}{N}, v_2 = \frac{V_2}{N}, i = \frac{I}{N}, r = \frac{R}{N},$$

diperoleh

$$s + v_1 + v_2 + i + r = \frac{S}{N} + \frac{V_1}{N} + \frac{V_2}{N} + \frac{I}{N} + \frac{R}{N} = 1,$$

sehingga diperoleh sistem tak berdimensi sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{ds}{dt} &= \alpha - \beta si - \sigma_1 s + \delta_1 v_1 + \delta_2 v_2 - \mu s \\ \frac{dv_1}{dt} &= \sigma_1 s - \delta_1 v_1 - \sigma_2 v_1 - \mu v_1 \\ \frac{dv_2}{dt} &= \sigma_2 v_1 - \delta_2 v_2 - \mu v_2 \\ \frac{di}{dt} &= \beta si - \gamma i - \mu i \\ \frac{dr}{dt} &= \gamma i - \mu r.\end{aligned}\tag{1}$$

Titik Keseimbangan

Dengan menyelesaikan persamaan $\frac{ds}{dt} = \frac{dv_1}{dt} = \frac{dv_2}{dt} = \frac{di}{dt} = \frac{dr}{dt} = 0$ diperoleh dua titik kesetimbangan sebagai berikut.

- Titik kesetimbangan bebas penyakit atau tidak ada penularan COVID-19 yaitu $E_0 = (s^*, v_1^*, v_2^*, i^*, r^*)$, dimana

$$\begin{aligned} s^* &= \frac{\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}{\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)} \\ v_1^* &= \frac{\alpha\sigma_1(\delta_2 + \mu)}{\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)} \\ v_2^* &= \frac{\alpha\sigma_1\sigma_2}{\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)} \\ i^* &= 0 \\ r^* &= 0 \end{aligned}$$

- Titik kesetimbangan endemik yaitu $E_1 = (s^{**}, v_1^{**}, v_2^{**}, i^{**}, r^{**})$, dimana

$$\begin{aligned} s^{**} &= \frac{\gamma + \mu}{\beta} \\ v_1^{**} &= \frac{\sigma_1(\gamma + \mu)}{\beta(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)} \\ v_2^{**} &= \frac{\sigma_1\sigma_2(\gamma + \mu)}{\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)} \\ i^{**} &= \frac{-1}{\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)(\gamma + \mu)} \left(\mu^4 \right. \\ &\quad \left. + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu^3 \right. \\ &\quad \left. + ((\gamma + \delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 \right. \\ &\quad \left. + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta + \sigma_1\sigma_2)\mu^2 \right. \\ &\quad \left. + ((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2\gamma \right. \\ &\quad \left. - \beta\alpha(\delta_1 + \sigma_2)\right) \mu - \beta\alpha\delta_2(\delta_1 + \sigma_2) \Big) \\ r^{**} &= \frac{-\gamma}{\beta\mu(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)(\gamma + \mu)} \left(\mu^4 \right. \\ &\quad \left. + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu^3 \right. \\ &\quad \left. + ((\gamma + \delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 \right. \\ &\quad \left. + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta + \sigma_1\sigma_2)\mu^2 \right. \\ &\quad \left. + ((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2\gamma \right. \\ &\quad \left. - \beta\alpha(\delta_1 + \sigma_2)\right) \mu - \beta\alpha\delta_2(\delta_1 + \sigma_2) \Big). \end{aligned}$$

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar dapat ditentukan dengan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM). NGM dibangun dari kompartemen dengan kasus yang terinfeksi, yaitu kompartemen I sebagai berikut.

$$\frac{di}{dt} = \beta si - \gamma i - \mu i$$

Dekomposisi matriks Jacobian menjadi matriks Transmisi dan matriks Transisi, masing-masing matriks tersebut dilambangkan dengan F dan V . Sehingga diperoleh matriks F dan matriks V sebagai berikut.

$$F = [\beta s],$$

$$V = [\gamma + \mu].$$

Substitusikan titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (s^*, v_1^*, v_2^*, i^*, r^*)$ pada matriks F . Diperoleh kontruksi NGM sebagai berikut.

$$FV^{-1} = \left[\frac{\beta\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}{(\gamma + \mu)\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)} \right]$$

Dari sistem diatas, dapat diperoleh nilai eigen. Nilai eigen dominan yang menjadi bilangan reproduksi dasar. Jadi, bilangan reproduksi dasar diperoleh

$$R_0 = \frac{\beta\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}{(\gamma + \mu)\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)}$$

Syarat kestabilan titik kesetimbangan yang ditentukan dari bilangan reproduksi dasar sebagai berikut.

- Jika $R_0 < 1$, maka sistem dikatakan stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan bebas penyakit.
- Jika $R_0 > 1$, maka sistem dikatakan stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan endemik.

Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan

Kestabilan titik kesetimbangan dapat ditentukan dengan melihat nilai eigen. Nilai eigen dapat diperoleh dengan melinierisasi sistem di sekitar titik kesetimbangan. Dengan melinierisasi sistem (1), diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut.

$$J = \begin{bmatrix} -\beta i - \sigma_1 - \mu & \delta_1 & \delta_2 & -\beta s & 0 \\ \sigma_1 & -\delta_1 - \sigma_2 - \mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2 & -\delta_2 - \mu & 0 & 0 \\ \beta i & 0 & 0 & \beta s - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

Karena model SV_1V_2IR mempunyai dua titik kesetimbangan, maka akan dilakukan analisis titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik.

- Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Dengan melinierisasi sistem (1) di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (s^*, v_1^*, v_2^*, i^*, r^*)$, diperoleh

$$J_{E_0} = \begin{bmatrix} -\sigma_1 - \mu & \delta_1 & \delta_2 & -\beta\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu) & 0 \\ \sigma_1 & -\delta_1 - \sigma_2 - \mu & 0 & \mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2) & 0 \\ 0 & \sigma_2 & -\delta_2 - \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \beta\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2) - \gamma - \mu & -\mu \end{bmatrix}$$

Persamaan karakteristik dari matriks Jacobian J_{E_0}

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

$$\det \begin{pmatrix} \lambda + \sigma_1 + \mu & \delta_1 & \delta_2 & -(\gamma + \mu)R_0 & 0 \\ \sigma_1 & \lambda + \delta_1 + \sigma_2 + \mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2 & \lambda + \delta_2 + \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda - (\gamma + \mu)(R_0 - 1) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & \lambda + \mu \end{pmatrix} = 0$$

$$-(\lambda + \mu)((R_0 - 1)(\gamma + \mu) - \lambda)(\lambda^3 + \lambda^2(3\mu + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2) + \lambda(3\mu^2 + 2\mu\delta_1 + 2\mu\delta_2 + 2\mu\sigma_1 + 2\mu\sigma_2 + \delta_1\delta_2 + \delta_2\sigma_1 + \delta_2\sigma_2 + \sigma_1\sigma_2) + \mu^3 + \mu^2\delta_1 + \mu^2\delta_2 + \mu^2\sigma_1 + \mu^2\sigma_2 + \mu\delta_1\delta_2 + \mu\delta_2\sigma_1 + \mu\delta_2\sigma_2 + \mu\sigma_1\sigma_2 + 2\delta_2\sigma_1\sigma_2) = 0$$

Berdasarkan persamaan karakteristik di atas, dapat diperoleh nilai eigen sebagai berikut.

$$\lambda_1 = -\mu$$

$$\lambda_2 = (R_0 - 1)(\gamma + \mu)$$

Kemudian tanda bagian riil nilai eigen yang lainnya dianalisis dengan kriteria Routh Hurwitz.

Berdasarkan persamaan karakteristik di atas, diperoleh tabel Routh Hurwitz sebagai berikut.

Tabel 2. Routh Hurwitz untuk Bebas Penyakit

s^3	a_0	a_2
s^2	a_1	a_3
s^1	$b_1 = \frac{a_1a_2 - a_0a_3}{a_1}$	$b_2 = \frac{a_1a_4 - a_0a_5}{a_1}$ $= 0$
s^0	$c_1 = \frac{b_1a_3 - a_1b_2}{b_1}$ $= a_3$	$c_2 = \frac{b_1a_5 - a_1b_3}{b_1}$ $= 0$

dimana

$$a_0 = 1$$

$$a_1 = 3\mu + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2$$

$$a_2 = 3\mu^2 + 2\mu\delta_1 + 2\mu\delta_2 + 2\mu\sigma_1 + 2\mu\sigma_2 + \delta_1\delta_2 + \delta_2\sigma_1 + \delta_2\sigma_2 + \sigma_1\sigma_2$$

$$a_3 = \mu^3 + \mu^2\delta_1 + \mu^2\delta_2 + \mu^2\sigma_1 + \mu^2\sigma_2 + \mu\delta_1\delta_2 + \mu\delta_2\sigma_1 + \mu\delta_2\sigma_2 + \mu\sigma_1\sigma_2 + 2\delta_2\sigma_1\sigma_2$$

Dari persamaan karakteristik dan kriteria Routh Hurwitz di atas, dapat diperoleh bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik apabila $R_0 < 1$ dan $a_1a_2 > a_0a_3$.

- Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Endemik

Dengan melinierisasi sistem (1) di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit $E_1 = (s^{**}, v_1^{**}, v_2^{**}, i^{**}, r^{**})$, diperoleh

$$J_{E_1} = \begin{bmatrix} -\beta i^{**} - \sigma_1 - \mu & \delta_1 & \delta_2 & -\gamma - \mu & 0 \\ \sigma_1 & -\delta_1 - \sigma_2 - \mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2 & -\delta_2 - \mu & 0 & 0 \\ \beta i^{**} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

Persamaan karakteristik dari matriks Jacobian J_{E_1} yaitu $\det(\lambda I - J_{E_1}) = 0$

$$\det \begin{pmatrix} \lambda + \beta \frac{(R_0 - 1)}{R_0(\gamma + \mu)} + \sigma_1 + \mu & \delta_1 & \delta_2 & -\gamma - \mu & 0 \\ \sigma_1 & \lambda + \delta_1 + \sigma_2 + \mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2 & \lambda + \delta_2 + \mu & 0 & 0 \\ \beta i^{**} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & \lambda + \mu \end{pmatrix} = 0$$

$$\frac{1}{R_0(\gamma + \mu)} \left((\lambda + \mu) \left(R_0(\gamma + \mu)\lambda^4 + ((3\mu^2 + (3\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + \beta + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma)R_0 - \beta)\lambda^3 + ((3\mu^3 + (3\gamma + 2(\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2))\mu^2 + (3\beta + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)2\gamma + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\mu + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_2)\beta + ((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\gamma)R_0 - 3\beta \left(\mu + \frac{1}{3}(\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_2) \right) \right) \lambda_2 + \left(\mu^4 + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu^3 + (3\beta + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\mu^2 + ((\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)2\beta + ((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\gamma + 2\delta_2\sigma_1\sigma_2) \mu + ((\delta_1 + \delta_2 + \sigma_2)\gamma + \delta_2(\delta_1 + \sigma_2))\beta + 2\gamma\delta_2\sigma_1\sigma_2 \right) R_0 - 3\beta \left(\mu^2 + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_2) \frac{2}{3} \mu + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_2) \frac{1}{3} \gamma + \frac{1}{3} \delta_2(\delta_1 + \sigma_2) \right) \right) \lambda + \beta(\mu + \delta_2)(\mu + \delta_1 + \sigma_2)(R_0 - 1)(\gamma + \mu) \right) = 0.$$

Berdasarkan persamaan karakteristik di atas, dapat diperoleh nilai eigen sebagai berikut

$$\lambda_1 = -\mu$$

Kemudian tanda bagian riil nilai eigen yang lainnya dianalisis dengan kriteria Routh Hurwitz.

Berdasarkan persamaan karakteristik di atas, diperoleh tabel Routh Hurwitz sebagai berikut.

Tabel 3. Routh Hurwitz untuk Endemik

s^4	a_0	a_2	a_4
s^3	a_1	a_3	$a_5 = 0$
s^2	$b_1 = \frac{a_1a_2 - a_0a_3}{a_1}$	$b_2 = \frac{a_1a_4 - a_0a_5}{a_1}$ $= a_4$	$b_3 = \frac{a_1a_6 - a_0a_7}{a_1}$ $= 0$
s^1	$c_1 = \frac{b_1a_3 - a_1b_2}{b_1}$	$c_2 = \frac{b_1a_5 - a_1b_3}{b_1}$ $= 0$	$c_3 = \frac{b_1a_7 - a_1b_4}{b_1}$ $= 0$
s^0	$d_1 = \frac{c_1b_2 - b_1c_2}{c_1}$ $= a_4$	$d_2 = \frac{c_1b_3 - b_1c_3}{c_1}$ $= 0$	$d_3 = \frac{c_1b_4 - b_1c_4}{c_1}$ $= 0$

dimana

$$a_0 = 1$$

$$a_1 = \frac{(3\mu^2 + (3\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + \beta + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma)R_0 - \beta}{R_0(\gamma + \mu)}$$

$$a_2 = \frac{1}{R_0(\gamma + \mu)} (3\mu^3 + (3\gamma + 2(\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2))\mu^2 + (3\beta + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)2\gamma + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\mu + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_2)\beta + ((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\gamma) R_0 - 3\beta \left(\mu + \frac{1}{3}(\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_2) \right)$$

$$a_3 = \frac{1}{R_0(\gamma + \mu)} (\mu^4 + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu^3 + (3\beta + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\mu^2 + ((\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)2\beta + ((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)\gamma + 2\delta_2\sigma_1\sigma_2)\mu + ((\delta_1 + \delta_2 + \sigma_2)\gamma + \delta_2(\delta_1 + \sigma_2))\beta + 2\gamma\delta_2\sigma_1\sigma_2) R_0 - 3\beta \left(\mu^2 + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_2)\frac{2}{3}\mu + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_2)\frac{1}{3}\gamma + \frac{1}{3}\delta_2(\delta_1 + \sigma_2) \right)$$

$$a_4 = \frac{\beta(\mu + \delta_2)(\mu + \delta_1 + \sigma_2)(R_0 - 1)(\gamma + \mu)}{R_0(\gamma + \mu)}$$

Dari kriteria Routh Hurwitz di atas, dapat diperoleh bahwa titik kesetimbangan endemik stabil asimtotik apabila $a_1a_2 > a_0a_3$, $b_1a_3 > a_1b_2$, dan $R_0 > 1$.

Kasus di Sidoarjo, Indonesia:

Penentuan Parameter dan Nilai Awal

Penentuan parameter dan nilai awal diperoleh dengan dua cara yaitu berdasarkan asumsi dan estimasi menggunakan algoritma genetika.

Parameter dan nilai awal μ , α , σ_1 , σ_2 , δ_1 , δ_2 , I , R pada model tidak diestimasi tetapi diasumsikan dengan melihat data yang tersedia. Berdasarkan data kependudukan BPS Sidoarjo (Sidoarjo, 2021), nilai parameter μ dan α diformulasikan sebagai berikut :

$$\mu = \frac{\text{jumlah kematian/hari}}{\text{jumlah penduduk}} = \frac{3077/365}{2282215} = 0.00000369384$$

$$\alpha = \frac{\text{jumlah kelahiran/hari}}{\text{jumlah penduduk}} = \frac{18071/365}{2282215} = 0.00002169366$$

Dari data Kemenkes dan Tim Uji Klinis Nasional Vaksin COVID-19 (Indonesia, 2021; Tribunnews, 2021), nilai parameter σ_1 , σ_2 , δ_1 , dan δ_2 diasumsikan sebagai berikut :

$$\sigma_1 = \text{tingkat efektivitas vaksin pertama} = \frac{53\%}{180 \text{ hari}} = 0.00294444444$$

$$\sigma_2 = \text{tingkat efektivitas vaksin kedua} = \frac{96\%}{180 \text{ hari}} = 0.00533333333$$

$$\delta_1 = \delta_2 = \text{tingkat penurunan efektivitas vaksin} = \frac{48\%}{180 \text{ hari}} = 0.002667$$

Proses estimasi parameter dan nilai awal terdiri dari 5 gen. Gen tersebut mempresentasikan parameter dan nilai awal β , γ , S , V_1 , V_2 . Parameter dan nilai awal tersebut dipilih untuk diestimasi karena masing-masing nilainya berubah setiap waktunya. Parameter dan nilai awal β , γ , S , V_1 , V_2 yang dipilih yaitu jika nilai tersebut memiliki rata-rata error atau MAPE (*Mean Absolute Percentage Error*) yang memiliki

nilai minimal. Fungsi biaya yang digunakan adalah sebagai berikut:

$$MAPE = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n \frac{|I_t - \hat{I}_t|}{I_t}$$

dimana n menyatakan banyaknya data, I_t menyatakan data riil kumulatif laju individu yang terinfeksi penyakit pada waktu ke- i di Sidoarjo, dan $\hat{I}_t$ menyatakan nilai hasil perhitungan yang diperoleh dari solusi model pada waktu ke- i .

Penyelesaian estimasi parameter dengan algoritma genetika menggunakan MATLAB di mana dalam program tersebut terdapat $nvar$, $npop$, probabilitas mutasi, probabilitas *crossover*, $xrate$ (*selection rate*) dan jumlah generasi yang terlebih dahulu ditentukan nilainya. Variabel $nvar$ menyatakan jumlah parameter yang diestimasi yaitu sebanyak 5. Variabel $npop$ (jumlah populasi) menggunakan nilai sebesar 100 untuk mendapatkan hasil yang optimal. Nilai probabilitas mutasi menggunakan nilai 0,01. Nilai probabilitas *crossover* dipilih sebesar 0,5. Karena nilai $xrate$ bersesuaian dengan nilai probabilitas *crossover*, maka nilai $xrate$ adalah 0,5. Jumlah iterasi yaitu banyaknya proses yang dilakukan secara berulang. Semakin besar jumlah perulangan maka semakin lama waktu yang dibutuhkan untuk memproses perhitungan. Sehingga jumlah perulangan dipilih sebanyak 50 perulangan.

Berdasarkan uraian di atas, diperoleh hasil estimasi parameter sebagai berikut.

Tabel 4. Hasil Estimasi Parameter dan Nilai Awal

Hasil Estimasi Parameter dan Nilai Awal		
Bulan	Juli	Oktober
β	0,25999	0,0000057
γ	0,018277	0,058824
$S(0)$	0,5	0,021966
$V_1(0)$	0,34999	0,60635
$V_2(0)$	0,09	0,36
MAPE	0,68529	0,99692

Simulasi Numerik

Pada tahap ini dilakukan simulasi model penularan COVID 19 dengan penerapan vaksinasi dua dosis pada bulan Juli dan Oktober dengan bantuan MATLAB.

- Untuk bulan Juli 2021
Nilai awal dan nilai parameter yang digunakan sebagai berikut.

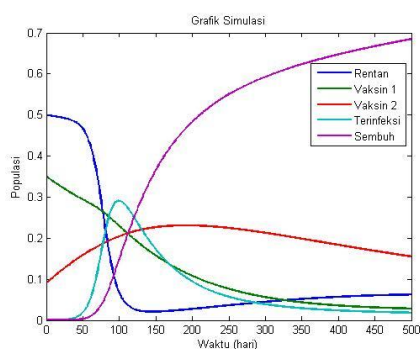
Tabel 5. Nilai Awal Bulan Juli

Simbol	Nilai Awal	Referensi
$S(0)$	0,5	Estimasi
$V_1(0)$	0,34999	Estimasi
$V_2(0)$	0,09	Estimasi
$I(0)$	0,00008193794	BPS Sidoarjo
$R(0)$	0	Asumsi

Tabel 6. Nilai Parameter Bulan Juli

Parameter	Nilai	Referensi
α	0,00002169366	BPS Sidoarjo
β	0,25999	Estimasi
δ_1	0,002667	Tim Uji Klinis Nasional Vaksin COVID-19
δ_2	0,002667	Tim Uji Klinis Nasional Vaksin COVID-19
γ	0,018277	Estimasi
μ	0,00000369384	BPS Sidoarjo
σ_1	0,00294444444	Kemenkes
σ_2	0,00533333333	Kemenkes

Berdasarkan nilai parameter di atas diperoleh nilai $R_0 = 39.7266886$. Simulasi dilakukan dengan nilai awal dan nilai parameter pada Tabel 5 dan Tabel 6. Hasil simulasi disajikan dalam gambar berikut.



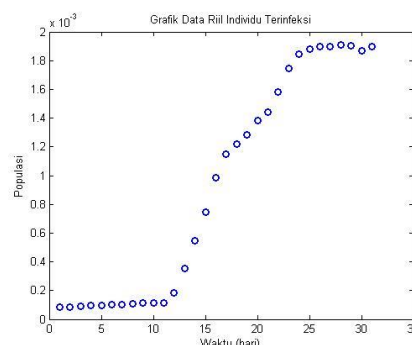
Gambar 3. Grafik Simulasi bulan Juli 2021

Berdasarkan Gambar 3, grafik kompartemen terinfeksi (I) menunjukkan bahwa jumlah kasus meningkat dengan waktu yang singkat dan menyentuh kasus tertinggi di hari ke-100, yaitu di bulan Oktober 2021. Grafik kompartemen individu yang sembuh (R) menunjukkan bahwa setelah hari ke-120 jumlah individu yang sembuh lebih dari individu terinfeksi. Seiring berjalannya waktu, grafik stabil menuju titik $E_1 =$

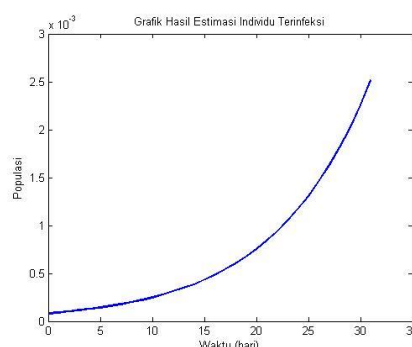
$$(s^{**}, v_1^{**}, v_2^{**}, i^{**}, r^{**}) =$$

$$(0.07031, 0.02587, 0.05165, 0.00116, 5.72394).$$

Dari hasil simulasi di atas, dapat dilihat bahwa wabah penyakit COVID 19 berangsur-angsur meningkat dan terjadi endemik.



Gambar 4. Grafik Hasil Estimasi I bulan Juli 2021



Gambar 5. Grafik Data Riil I bulan Juli 2021

Berdasarkan Gambar 4 dan Gambar 5, dapat dilihat bahwa ada perbedaan antara hasil estimasi individu terinfeksi dengan data riil individu terinfeksi. Terjadi perbedaan mulai dari $t = 11$, dimana grafik hasil data riil meningkat dan membentuk parabola terbuka ke atas sedangkan grafik hasil estimasi meningkat dan membentuk parabola terbuka ke bawah. Meskipun terdapat perbedaan, kedua grafik tersebut sama-sama mengalami peningkatan kasus positif setiap harinya dan grafik hasil estimasi individu terinfeksi cukup baik mendekati grafik data riil individu terinfeksi karena diperoleh nilai MAPE yang kecil yaitu 0,68529.

- Untuk bulan Oktober 2021
Nilai awal dan nilai parameter yang digunakan sebagai berikut.

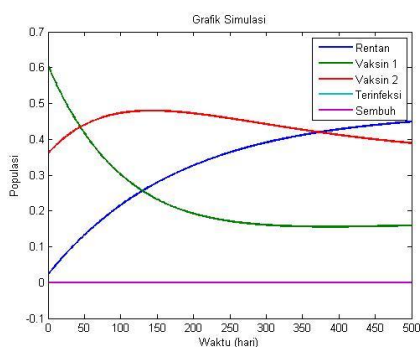
Tabel 7. Nilai Awal Bulan Oktober

Simbol	Nilai Awal	Referensi
$S(0)$	0,021966	Estimasi
$V_1(0)$	0,60635	Estimasi
$V_2(0)$	0,36	Estimasi
$I(0)$	0,00003626812	BPS Sidoarjo
$R(0)$	0	Asumsi

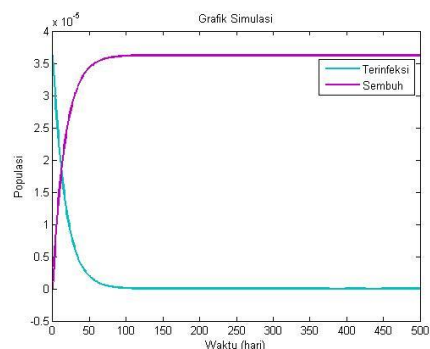
Tabel 8. Nilai Parameter Bulan Oktober

Parameter	Nilai	Referensi
α	0,00002169366	BPS Sidoarjo
β	0,0000057	Estimasi
δ_1	0,002667	Tim Uji Klinis Nasional Vaksin COVID-19
δ_2	0,002667	Tim Uji Klinis Nasional Vaksin COVID-19
γ	0,058824	Estimasi
μ	0,00000369384	BPS Sidoarjo
σ_1	0,00294444444	Kemenkes
σ_2	0,00533333333	Kemenkes

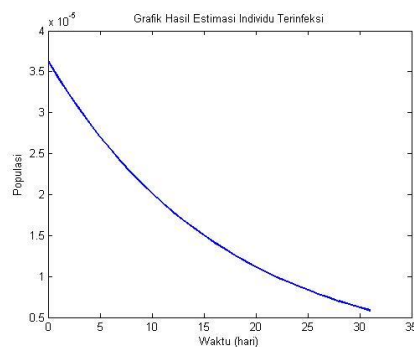
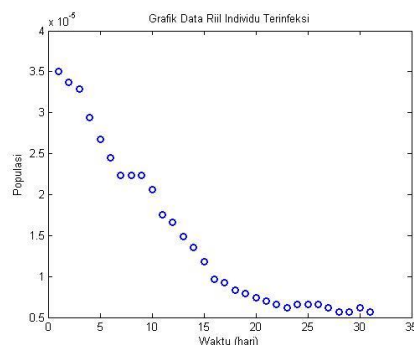
Berdasarkan nilai parameter di atas diperoleh nilai $R_0 = 0.0002706521182$. Simulasi dilakukan dengan nilai awal dan nilai parameter pada Tabel 7 dan Tabel 8. Hasil simulasi disajikan dalam gambar berikut.



Gambar 6. Grafik Simulasi bulan Oktober 2021

Gambar 7. Grafik Simulasi (I dan R) bulan Oktober 2021

Berdasarkan Gambar 7, grafik kompartemen terinfeksi (I) menunjukkan bahwa jumlah kasus menurun seiring berjalannya waktu dan akan stabil di hari ke-90, yaitu di bulan Januari 2022. Dan grafik kompartemen individu yang sembuh (R) pada Gambar 7 menunjukkan bahwa setelah hari ke-12 jumlah individu yang sembuh lebih dari individu terinfeksi dan terus naik sampai di hari ke-90 dan stabil di titik tersebut. Seiring berjalannya waktu, grafik stabil menuju titik $E_0 = (s^*, v_1^*, v_2^*, i^*, r^*) = (2.79331, 1.02757, 2.05205, 0, 0)$. Dari hasil simulasi dapat dilihat bahwa wabah penyakit COVID 19 berangsur-angsur menghilang.

Gambar 8. Grafik Hasil Estimasi I bulan Oktober 2021Gambar 9. Grafik Data Riil I bulan Oktober 2021

Berdasarkan Gambar 8 dan Gambar 9, terlihat bahwa terdapat perbedaan antara hasil estimasi individu terinfeksi dengan data riil individu terinfeksi. Terjadi perbedaan dimana grafik data riil menurun dan membentuk parabola terbuka ke bawah dari $t = 0$ sampai $t = 7$ dan stabil saat $t = 7$ sampai $t = 9$ sedangkan grafik hasil estimasi menurun dan membentuk parabola terbuka ke atas. Meskipun terdapat perbedaan, kedua grafik tersebut sama-sama mengalami penurunan kasus positif setiap harinya dan grafik hasil estimasi individu terinfeksi cukup baik mendekati grafik data riil individu terinfeksi karena diperoleh nilai MAPE yang kecil yaitu 0.99692.

PENUTUP

SIMPULAN

Berdasarkan hasil estimasi parameter dan nilai awal, diperoleh $\beta = 0.25999, \gamma = 0.018277, S(0) = 0.5, V_1(0) = 0.34999, V_2(0) = 0.09$ dengan nilai $MAPE = 0.68529$ untuk bulan Juli 2021 dan $\beta = 0.0000057, \gamma = 0.058824, S(0) = 0.021966, V_1(0) = 0.60635, V_2(0) = 0.36$ dengan nilai $MAPE = 0.99692$ untuk bulan Oktober 2021.

Model matematika penularan penyakit COVID-19 dengan penerapan vaksinasi dua dosis mempunyai dua titik kesetimbangan yaitu $E_0 = (S^*, v_1^*, v_2^*, i^*, r^*) = \left(\frac{\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}{\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)}, \frac{\alpha\sigma_1(\delta_2 + \mu)}{\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)}, \frac{\alpha\sigma_1\sigma_2}{\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)}, 0, 0 \right)$ dan $E_1 = (S^{**}, v_1^{**}, v_2^{**}, i^{**}, r^{**}) = \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\sigma_1(\gamma + \mu)}{\beta(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}, \frac{\sigma_1\sigma_2(\gamma + \mu)}{\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}, \frac{-1}{\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)(\gamma + \mu)} \left(\mu^4 + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu^3 + ((\gamma + \delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta + \sigma_1\sigma_2)\mu^2 + (((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2\gamma - \beta\alpha(\delta_1 + \sigma_2))\mu - \beta\alpha\delta_2(\delta_1 + \sigma_2) \right), \frac{-\gamma}{\beta\mu(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)(\gamma + \mu)} \left(\mu^4 + (\gamma + \delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu^3 + ((\gamma + \delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta + \sigma_1\sigma_2)\mu^2 + (((\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\gamma - \alpha\beta)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2\gamma - \beta\alpha(\delta_1 + \sigma_2))\mu - \beta\alpha\delta_2(\delta_1 + \sigma_2) \right) \right)$.

Bilangan reproduksi dasar diperoleh $R_0 = \frac{\beta\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)}{(\gamma + \mu)\mu(\mu^2 + (\delta_1 + \delta_2 + \sigma_1 + \sigma_2)\mu + (\delta_1 + \sigma_1 + \sigma_2)\delta_2 + \sigma_1\sigma_2)}$. Jika $R_0 < 1$, maka sistem dikatakan stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan bebas penyakit. Jika $R_0 > 1$, maka sistem dikatakan stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan endemik.

Hasil simulasi numerik dari model matematika penularan penyakit COVID-19 dengan penerapan vaksinasi dua dosis menunjukkan bahwa pada bulan Juli 2021 terdapat peningkatan kasus positif yang cukup signifikan dan diperoleh $R_0 = 39.72668869 > 1$, dimana sistem stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan endemik. Hal ini sesuai dengan keadaan yang sesungguhnya di Sidoarjo di mana dalam periode bulan Juli 2021 terjadi peningkatan penularan COVID-19 yang cukup tinggi. Pada bulan Oktober 2021, diperoleh nilai $R_0 = 0.0002706521182 < 1$, maka sistem stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan bebas penyakit. Jumlah kasus positif menurun dan setelah hari ke-12 jumlah individu yang sembuh lebih banyak dibandingkan jumlah individu yang terinfeksi. Hal ini sesuai dengan keadaan sesungguhnya di Sidoarjo bahwa dalam periode bulan Oktober 2021, tingkat penularan COVID-19 telah melandai dan jumlah kasus positif telah menurun yang diikuti dengan semakin bertambahnya individu yang sembuh.

SARAN

Untuk memperoleh model yang lebih mendekati keadaan sesungguhnya, pada penelitian selanjutnya dapat melibatkan kompartemen dan parameter yang lebih lengkap, seperti individu yang karantina, individu yang dirawat di rumah sakit, laju kematian akibat penyakit, dsb. Proses estimasi parameter dan nilai awal dapat ditentukan dengan menggunakan metode yang sama berdasarkan data riil yang tersedia.

DAFTAR PUSTAKA

- Abadi, A., Fakhruddin, M., Artiono, R., & Prawoto, B. P. (2021). Measles Transmission Model with Vaccination and Hospitalization Treatments. *Communication in Biomathematical Sciences*, 3(2), 127-134.
<https://doi.org/10.5614/cbms.2020.3.2.4>
 Bodson, M. (2020). Explaining the Routh-Hurwitz criterion A tutorial presentation. *IEEE Control*

- Systems Magazine*, (1), 45–51.
<https://doi.org/10.1109/MCS.2019.2949974>
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical Models in Epidemiology*. New York: Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9_17
- Brauer, F., van den Driessche, P., & Wu, J. (1945). *Mathematical Epidemiology* (1st ed., Vol. 1; F. Brauer, P. van den Driessche, & J. Wu, Eds.). Berlin: Springer. <https://doi.org/10.1136/bmj.1.5082.1287-a>
- Darmawati, Nur, W., & Nur, Z. (2019). Estimasi Parameter Model SIR dengan Algoritma Genetik. *Journal of Mathematics Theory and Application*, 1(2), 64–68.
- Dougherty, B. P., Smith, B. A., Carson, C. A., & Ogden, N. H. (2021). Exploring the percentage of COVID-19 cases reported in the community in Canada and associated case fatality ratios. *Infectious Disease Modelling*, 6, 123–132. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.11.008>
- Ge, H., Wang, X., Yuan, X., Xiao, G., Wang, C., Deng, T., ... Xiao, X. (2020). The epidemiology and clinical information about COVID-19. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 39(6), 1011–1019. <https://doi.org/10.1007/s10096-020-03874-z>
- Giordano, F. R., Fox, W. P., & Horton, S. B. (2000). *A First Course in Mathematical Modeling* (5th ed., Vol. 37). Boston: Richard Stratton. <https://doi.org/10.5860/choice.37-2828>
- Haupt, R. L., & Haupt, S. E. (2004). *Practical Genetic Algorithms Second Edition GLOSSARY* (2nd ed.). Hoboken: A John Wiley & Sons, Inc.
- Indonesia, C. (2021). Efikasi Sinovac Turun Jadi 50 Persen Setelah Enam Bulan. Retrieved November 19, 2021, from <https://www.cnnindonesia.com/teknologi/20211008135255-199-705197/efikasi-sinovac-turun-jadi-50-persen-setelah-enam-bulan>
- Ishikawa, M. (2012). Optimal Strategies for Vaccination using the Stochastic SIRV Model. *Transactions of the Institute of Systems, Control and Information Engineers*, 25(12), 343–348. <https://doi.org/10.5687/iscie.25.343>
- Ivorra, B., Ferrández, M. R., Vela-pérez, M., & Ramos, A. M. (2020). *Mathematical modeling of the spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) taking into account the undetected infections. The case of China*. 88, 1–22. <https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2020.105303>
- Kitano, T. (2019). Dynamic transmission model of routine mumps vaccination in Japan. *Epidemiology and Infection*, 147, 1–8. <https://doi.org/10.1017/S0950268818003230>
- Li, M. Y. (2018). An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases. In *An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases*. New York: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-72122-4>
- Manaqib, M., Azizah, M., Hartati S., E., Pratiwi, S., & Maulana, R. A. (2021). Analisis Model Matematika Penyebaran Penyakit Covid-19 Dengan Lockdown Dan Karantina. *BAREKENG: Jurnal Ilmu Matematika Dan Terapan*, 15(3), 479–492. <https://doi.org/10.30598/barekengvol15iss3p479-492>
- Merkin, D. R. (1997). *Introduction to the Theory of Stability* (Vol. 63). New York: Springer.
- Mitchell, M. (1998). *Introduction to genetic algorithms*. Cambridge: MIT Press. <https://doi.org/10.1145/1274000.1274111>
- Pandey, A., Mubayi, A., & Medlock, J. (2013). Comparing vector-host and SIR models for dengue transmission. *Mathematical Biosciences*, 246(2), 252–259. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2013.10.007>
- Perko, L. (2001). *Equations and Dynamical Systems* (3rd ed.). New York: Springer.
- Sidoarjo, B. (2021). Perkembangan Penduduk Menurut Kecamatan (Jiwa). Retrieved November 19, 2021, from <https://sidoarjabps.go.id/indicator/12/115/1/perkembangan-penduduk-menurut-kecamatan.html>
- Sivanandam, S. N., & Deepa, S. N. (2008). *Introduction to Genetic Algorithms*. Berlin: Springer.
- Tribunnews. (2021). Kajian Terbaru Kemenkes: Vaksin Sinovac Efektif Cegah Kematian Hingga 98 Persen Pada Nakes di DKI. Retrieved November 19, 2021, from <https://m.tribunnews.com/corona/2021/05/12/kajian-terbaru-kemenkes-vaksin-sinovac-efektif-cegah-kematian-hingga-98-persen-pada-nakes-di-dki>
- Vynnycky, E., & White, R. G. (2012). An introduction to infectious disease modelling. *The European Journal of Public Health*, Vol. 22, pp. 295–295. <https://doi.org/10.1093/eurpub/ckq163>
- Wang, D., Hu, B., Hu, C., Zhu, F., Liu, X., Zhang, J., ... Peng, Z. (2020). Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients with 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China. *JAMA - Journal of the American Medical Association*, 323(11), 1061–1069. <https://doi.org/10.1001/jama.2020.1585>
- Zakary, O., Bidah, S., Rachik, M., & Ferjouchia, H. (2020). Mathematical model to estimate and predict the COVID-19 infections in Morocco: Optimal control strategy. *Journal of Applied Mathematics*, 2020(vi).

<https://doi.org/10.1155/2020/9813926>

Zakary, O., Rachik, M., & Elmouki, I. (2017). A new epidemic modeling approach: Multi-regions discrete-time model with travel-blocking vicinity optimal control strategy. *Infectious Disease Modelling*, 2(3), 304–322. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2017.06.003>

Zhu, N., Zhang, D., Wang, W., Li, X., Yang, B., Song, J., ... Tan, W. (2020). A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *New England Journal of Medicine*, 382(8), 727–733. <https://doi.org/10.1056/nejmoa2001017>