

DINAMIKA MODEL SIRI COVID-19 DENGAN ADANYA PENGARUH KERUMUNAN

Anni Nurjanah

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : anni.18011@mhs.unesa.ac.id

Budi Priyo Prawoto

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : budiprawoto@unesa.ac.id

Abstrak

Coronavirus Disease 2019 di penghujung tahun 2021 masih mewabah di seluruh dunia. Virus ini awal mulanya didapati di Wuhan, Cina pada bulan Desember tahun 2019 kemudian begitu cepat menyebar sehingga menjadi pandemi global. Virus ini merupakan salah satu virus yang bisa menular melalui kontak antara manusia sehat dengan manusia terinfeksi. Virus Corona dapat menular melalui droplet orang terinfeksi yang dihasilkan pada waktu batuk atau bersin. Faktor yang membuat virus ini bisa berkembang banyak salah satunya adalah dengan adanya kontak antar manusia sehat dan manusia terinfeksi dalam jumlah lebih dari satu orang atau kerumunan, sehingga virus dapat menular dengan mudah. Artikel ini membahas model SIR yang dimodifikasi menjadi SIRI untuk kasus COVID 19 dengan memasukkan faktor kerumunan atau efek berkerumun. Tahapan dalam penelitian ini diawali dengan penentuan asumsi awal, konstruksi model, penentuan titik equilibrium, analisa kestabilan, penentuan bilangan reproduksi dasar serta sinkronisasi hasil analisa menggunakan simulasi numerik. Hasil dari penelitian diperoleh model matematika SIRI COVID-19 dengan adanya pengaruh kerumunan, dua titik kesetimbangan yakni titik kesetimbangan bebas penyakit (D_0) dan titik kesetimbangan endemik (D^*) bersama syarat kestabilannya, dan bilangan reproduksi dasar (R_0).

Kata Kunci: Pemodelan Matematika, COVID-19, SIRI, Faktor Kerumunan, Reinfeksi

Abstract

Coronavirus Disease 2019 at the end of 2021 is still endemic throughout the world. This virus was originally discovered in Wuhan, China in December 2019, then spread so quickly that it became a global pandemic. This virus is a virus that can be transmitted through contact between healthy humans and infected humans. Coronavirus can be transmitted through droplets of infected people that are produced when coughing or sneezing. Factors that make this virus can grow a lot, one of which is by contact between healthy humans and infected humans in numbers of more than one person or crowd so that the virus can spread easily. This article discusses the SIR model modified to SIRI for COVID 19 cases by including the crowding factor or crowding effect. The stages in this research begin with determining the initial assumptions, model construction, determining the equilibrium point, stability analysis, determining the basic reproduction number, and synchronizing the results of the analysis using numerical simulations. The results of the study obtained the SIRI COVID-19 mathematical model with the influence of crowds, two equilibrium points, namely the disease-free equilibrium point (D_0) and the endemic equilibrium point (D^*) along with the stability conditions, and the basic reproduction number (R_0).

Keywords: Mathematical Model, COVID-19, SIRI, Crowds Factor, Reinfection

PENDAHULUAN

Coronavirus Disease 2019 adalah penyakit yang ditimbulkan karena virus bentuk baru corona tepatnya SARS-CoV-2 (Yuliana, 2020). Infeksi ini awal mulanya didapati di Wuhan, Cina pada bulan Desember tahun 2019. Virus bentuk ini diberi sebutan Severe acute respiratory syndrome coronavirus-2 atau SARS-CoV-2 oleh World Health Organization (WHO, 2020). WHO juga memutuskan bahwa COVID-19 menjadi pandemi dunia pada tanggal 11

bulan Maret tahun 2020. Saat ini virus Corona masih menjadi wabah yang menyebar diseluruh dunia. Hingga pada 3 Januari 2022 tercatat sebanyak 291.013.070 kasus COVID-19 dengan kematian sebanyak 5.462.711 di dunia. Saat ini negara dengan kasus COVID-19 tertinggi adalah USA dengan kasus sebanyak 56.142.175 dan kematian sebanyak 847.408. Indonesia menempati posisi ke 14 dengan kasus COVID-19 sebanyak 4.263.433 dan kematian sebanyak 144.102 (Worldometer, 2022).

Virus Corona dapat menular melalui droplet orang terinfeksi yang dihasilkan pada waktu batuk atau bersin. Virus akan semakin menyebar jika terdapat kontak antara manusia terinfeksi dengan manusia sehat dalam jumlah banyak atau kerumunan. Dalam upaya pengendalian penyebaran COVID-19, masyarakat diharapkan dapat menerapkan protokol kesehatan 5M, salah satunya adalah menjauhi kerumunan (KEMENKES PADK). Faktor kerumunan sangat rentan untuk terjadinya penularan, apalagi dalam kerumunan tersebut protokol kesehatan tidak diterapkan (KOMINFO Jatim).

Model SIR (Susceptible, Infected, Recovered) merupakan salah satu model yang umumnya dipakai untuk menganalisa penyebaran penyakit. Model ini pertama kali dikemukakan tahun 1972 oleh Kermack dan McKendrick. Model SIR memiliki tiga sub populasi yakni (S) merupakan sub populasi rentan, (I) merupakan sub populasi terinfeksi kemudian (R) merupakan sub populasi sembuh. Salah satu penyakit yang dapat dianalisa penyebarannya dengan model SIR adalah COVID-19. Terdapat banyak sekali artikel atau jurnal yang membahas model SIR pada COVID-19 salah satunya adalah artikel dengan judul *crowding effect on the dynamics of covid-19 mathematical model* oleh Zhang et al., (2020). Dalam artikel tersebut dibahas efek kerumunan pada COVID-19 dengan menggunakan model SIR.

Dalam penelitian ini penulis tertarik untuk membahas efek kerumunan pada COVID-19 dengan model SIR yang dimodifikasi menjadi SIRI di mana diasumsikan bahwa orang yang sudah sembuh dapat terinfeksi kembali. Hal tersebut didasarkan pada fenomena penyakit ini, di mana seseorang dapat terinfeksi lebih dari satu kali. Model dibentuk berdasarkan asumsi-asumsi dan batasan yang telah dibuat. Selanjutnya dicari titik kesetimbangan juga analisa kestabilannya. Kemudian bilangan reproduksi dasar ditentukan dengan *next generation matrix* serta dilakukan simulasi untuk mendukung hasil analisis yang diperoleh.

KAJIAN TEORI

Sistem Persamaan Diferensial

Sistem persamaan diferensial adalah sistem yang memuat n butir fungsi yang tidak diketahui. Sistem ini biasanya timbul dengan alami pada kasus yang menyangkut beberapa variable bebas

(contohnya x_1, x_2, \dots, x_n) yang tiap-tiap darinya adalah sebuah elemen berdasarkan satu variabel bebas (contohnya t).

Bentuk generik sistem sebagai berikut

$$\begin{aligned} \frac{dx_1}{dt} &= f_1(x_1, x_2, \dots, x_n, t) \\ \frac{dx_2}{dt} &= f_2(x_1, x_2, \dots, x_n, t) \\ &\vdots \\ \frac{dx_n}{dt} &= f_n(x_1, x_2, \dots, x_n, t). \end{aligned}$$

dimana x_1, x_2, \dots, x_n merupakan variabel bebas kemudian t adalah variabel terikat. Maka $x_1 = x_1(t)$, $x_2 = x_2(t)$, ..., $x_n = x_n(t)$, dengan $\frac{dx_n}{dt}$ adalah derivatif fungsi x_n pada t (Kartono, 2012).

Model SIR

Model SIR (Susceptible, Infected, Recovered) dikemukakan tahun 1972 oleh Kermack dan McKendrick. Model SIR memiliki tiga sub populasi yakni (S) merupakan sub populasi rentan, (I) merupakan sub populasi terinfeksi kemudian (R) merupakan sub populasi sembuh.

Diagram kompartemen model SIR adalah sebagai berikut

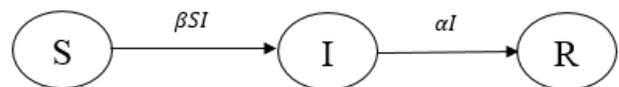


Diagram 1. Model SIR

Sehingga diperoleh model sebagai berikut

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

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$$

Titik Kesetimbangan

Titik kesetimbangan adalah titik di mana sistem yang diberikan tidak mengalami perubahan sepanjang waktu (Finizio dan Ladas, 1982).

Diberikan sistem

$$\dot{x} = f(x) \quad x \in \mathbb{R}^n$$

Sehingga titik $\bar{x} \in \mathbb{R}^n$ dinamakan titik kesetimbangan menurut sistem apabila

$$f(\bar{x}) = 0.$$

(Wiggins, 2003)

Matriks Jacobi

Diberikan suatu fungsi $f = (f_1, \dots, f_n)$ di sistem $\dot{x} = f(x)$ dimana $f_i \in C(E)$, $i = 1, 2, \dots, n$.

Matriks Jacobi dari f di titik \bar{x} adalah sebagai berikut:

$$Jf(x) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(\bar{x}) & \frac{\partial f_1}{\partial x_2}(\bar{x}) & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n}(\bar{x}) \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1}(\bar{x}) & \frac{\partial f_2}{\partial x_2}(\bar{x}) & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n}(\bar{x}) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1}(\bar{x}) & \frac{\partial f_n}{\partial x_2}(\bar{x}) & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n}(\bar{x}) \end{bmatrix}.$$

(Kocak dan Hole, 1991).

Kestabilan Titik Kesetimbangan

Dari sistem persamaan $\dot{x} = f(x)$ diberikan matriks Jacobi $J(f(\bar{x}))$ dengan nilai eigen yang berbeda $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_k$.

Titik kesetimbangan \bar{x} akan stabil asimtotik dengan syarat jika dan hanya jika $\lambda_i < 0$. Kemudian titik kesetimbangan \bar{x} akan stabil dengan syarat jika dan hanya jika $\lambda_i \leq 0$, lalu titik kesetimbangan \bar{x} tidak stabil dengan syarat jika dan hanya jika ada minimal satu $\lambda_i > 0$ dengan $i = 1, 2, \dots, k$ (Olsder, 2003).

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) bisa didefinisikan menjadi nilai harapan banyaknya populasi yang rentan menjadi terinfeksi semasa berlangsungnya waktu infeksi (Driessche dan Watmough, 2002).

Bilangan reproduksi dasar dapat dicari dengan menggunakan *next generation matrix*. F_i adalah matriks individu yang baru terinfeksi pada kompartemen terinfeksi. Kemudian V_i adalah matriks individu terinfeksi yang masuk atau keluar dari kompartemen terinfeksi, di mana F dan V adalah matriks berukuran $n \times n$ dengan $F = \left[\frac{\partial f_i}{\partial x_i}(\sigma^0) \right]$ dan $V = \left[\frac{\partial v_i}{\partial x_i}(\sigma^0) \right]$. K disebut dengan *next generation matrix* dengan matriks $K = FV^{-1}$. Nilai eigen yang paling dominan dari matriks K adalah nilai bilangan reproduksi dasar (Diekmann dkk, 2009).

Menurut Driessche dan Watmough (2005) bilangan reproduksi dasar dinyatakan sebagai berikut :

$$R_0 = \rho(FV^{-1}).$$

Terdapat beberapa kondisi yang akan muncul yaitu jika $R_0 < 1$ maka penyakit akan menghilang, kemudian apabila $R_0 = 1$ maka penyakit akan menetap dan ketika $R_0 > 1$ berarti penyakit akan menjadi wabah.

METODE

Jenis Penelitian

Penelitian ini adalah penelitian studi literatur yang membahas tentang model SIRI COVID-19 dengan adanya pengaruh kerumunan. Artikel yang dirujuk dalam penelitian ini adalah artikel penelitian yang dikerjakan oleh Zhang et al., (2020). Tahapan dalam penelitian ini adalah menyusun asumsi, mengkonstruksi model, menentukan titik ekuilibrium, analisa kestabilan, bilangan reproduksi dasar dan simulasi.

Rancangan Penelitian

Penelitian ini didahului dengan studi literatur tentang penyakit COVID-19, kemudian menyusun asumsi dan batasan yang digunakan dalam membentuk model, mengkonstruksi model SIRI COVID-19 dengan adanya pengaruh kerumunan. Selanjutnya menentukan titik kesetimbangan, kemudian dianalisa kestabilannya. Dilanjutkan menentukan bilangan reproduksi dasar serta sinkronisasi hasil analisa menggunakan simulasi.

Data Penelitian

Pada penelitian ini data yang dipakai berasal dari berbagai artikel yang membahas tentang model SIR COVID-19. Sumber utamanya merupakan artikel penelitian yang dikerjakan oleh Zhang et al., (2020).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Model yang digunakan adalah model SIR dimana (S) merupakan sub populasi rentan, (I) merupakan sub populasi terinfeksi, dan (R) merupakan sub populasi sembuh. Kemudian dimodifikasi menjadi model SIRI di mana diasumsikan bahwa individu yang sembuh dapat terinfeksi kembali.

Berikut merupakan asumsi-asumsi untuk membentuk model dalam penelitian ini :

- a) populasi tertutup (tidak ada migrasi yang terjadi),
- b) individu baru lahir masuk pada sub populasi rentan dengan tingkat kelahiran sebesar μ ,
- c) pada setiap sub populasi terjadi kematian alami dengan tingkat kematian sama dengan tingkat kelahiran yaitu sebesar μ ,
- d) penularan penyakit terjadi karena individu rentan atau individu sembuh yang dapat terinfeksi kembali dengan varian virus yang sama melakukan kontak dengan individu terinfeksi dengan tingkat penularan sebesar β dengan faktor kerumunan $\frac{1}{(1+\alpha)}$ berdasarkan Zhang et al., (2020) dengan nilai α berada pada interval 0 sampai 1 di mana ketika nilai α semakin besar maka faktor kerumunannya akan semakin kecil,
- e) individu terinfeksi dapat sembuh dengan tingkat kesembuhan sebesar γ .

Dari asumsi-asumsi di atas dapat dibentuk diagram kompartemen sebagai berikut :

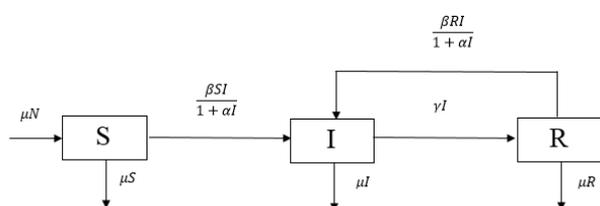


Diagram 1. Model SIRI COVID-19 dengan adanya pengaruh kerumunan

Kemudian menghasilkan model sebagai berikut :

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \frac{\beta SI}{1+\alpha I} - \mu S \tag{1}$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta I(S+R)}{1+\alpha I} - (\gamma + \mu) I \tag{2}$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \frac{\beta RI}{1+\alpha I} - \mu R. \tag{3}$$

Tabel 1. Deskripsi Variabel

Variabel	Deskripsi
S	Jumlah individu rentan
I	Jumlah individu terinfeksi
R	Jumlah individu sembuh
N	Total populasi

Tabel 1. Deskripsi Parameter

Parameter	Deskripsi
μ	Tingkat kelahiran dan kematian alami
β	Tingkat penularan

Parameter	Deskripsi
$1/(1 + \alpha I)$	Faktor kerumunan
γ	Tingkat kesembuhan

Titik Kesetimbangan

Dari model yang diperoleh bisa dicari titik kesetimbangannya dengan cara membuat nol pada ruas kanan dari persamaan (1), (2), (3). Didapatkan dua titik kesetimbangan, yang pertama titik kesetimbangan bebas penyakit kemudian yang kedua titik kesetimbangan endemik sebagai berikut :

1. Titik kesetimbangan bebas penyakit
 $= \{S = N, I = 0, R = 0\}$
2. Titik kesetimbangan endemik
 $= \left\{ S^* = \frac{(N\alpha + 1)\mu N}{N\alpha\mu + N\beta - \gamma}, I^* = \frac{N\beta - \gamma - \mu}{\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta}, R^* = \frac{\gamma((N\alpha + 1)(N\beta - \gamma - \mu))}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)} \right\}$

Kestabilan Titik Kesetimbangan

Pada analisa stabilitas, dianalisa atau dicari syarat stabilitas titik kesetimbangan bebas penyakit juga syarat stabilitas titik kesetimbangan endemik.

Matriks Jacobi dilambangkan menggunakan (J) seperti berikut

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \end{bmatrix}$$

Dari persamaan (1), (2), dan (3) diperoleh matriks Jacobi sebagai berikut

$$J = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I}{I\alpha + 1} - \mu & -\frac{\beta S}{I\alpha + 1} + \frac{\beta SI\alpha}{(I\alpha + 1)^2} & 0 \\ \frac{\beta I}{I\alpha + 1} & a_{22} & \frac{\beta I}{I\alpha + 1} \\ 0 & \gamma - \frac{\beta R}{I\alpha + 1} + \frac{\beta RI\alpha}{(I\alpha + 1)^2} & -\frac{\beta I}{I\alpha + 1} - \mu \end{bmatrix}$$

Dimana

$$a_{22} = \frac{\beta(S + R)}{I\alpha + 1} - \frac{\beta I(S + R)\alpha}{(I\alpha + 1)^2} - \gamma - \mu$$

Kemudian substitusi titik $\{S = N, I = 0, R = 0\}$ kedalam matriks Jacobi, diperoleh matriks sebagai berikut

$$J = \begin{bmatrix} -\mu & -\beta N & 0 \\ 0 & \beta N - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

Setelah itu mencari nilai eigen dari matriks Jacobi menggunakan rumus sebagai berikut

$$|J - \lambda I| = 0$$

Sehingga diperoleh

$$|J - \lambda I| = \begin{bmatrix} -\mu - \lambda & -\beta N & 0 \\ 0 & \beta N - \mu - \gamma - \lambda & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu - \lambda \end{bmatrix} = 0$$

Kemudian didapatkan persamaan karakteristik seperti berikut

$$(\lambda + \mu)^2(-\beta N + \gamma + \lambda + \mu) = 0$$

Maka dapat diperoleh tiga nilai eigen yaitu $\lambda_{1,2} = -\mu$, $\lambda_3 = \beta N - \gamma - \mu$. Karena nilai parameter selalu positif maka $\lambda_{1,2}$ selalu bernilai negatif. Kemudian λ_3 bernilai negatif jika dipenuhi syarat $\beta < \frac{\gamma + \mu}{N}$.

Hasil dari analisis yang telah dilakukan menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit stabil apabila dipenuhi syarat $\beta < \frac{\gamma + \mu}{N}$.

Kemudian dianalisa stabilitas titik kesetimbangan endemik, substitusi titik $\{S^* = \frac{(N\alpha+1)\mu N}{N\alpha\mu+N\beta-\gamma}, I^* = \frac{N\beta-\gamma-\mu}{\alpha\gamma+\alpha\mu+\beta}, R^* = \frac{\gamma((N\alpha+1)(N\beta-\gamma-\mu))}{(\alpha\gamma+\alpha\mu+\beta)(N\alpha\mu+N\beta-\gamma)}\}$ kedalam matriks Jacobi, matriks Jacobi disimbolkan dengan (J) seperti berikut

$$J = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & 0 \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ 0 & a_{32} & a_{33} \end{bmatrix}$$

Dimana

$$a_{11} = -\frac{\beta(N\beta - \gamma - \mu)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} - \mu$$

$$a_{12} = -\frac{\beta(N\alpha + 1)N\mu}{(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} + \frac{\beta(N\alpha + 1)N\mu(N\beta - \gamma - \mu)\alpha}{(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)}$$

$$a_{21} = \frac{\beta(N\beta - \gamma - \mu)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)}$$

$$a_{22} = \frac{\beta(N\alpha + 1)N\mu}{(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} - \frac{\beta(N\alpha + 1)N\mu(N\beta - \gamma - \mu)\alpha}{(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} - \gamma - \mu + \frac{\beta\gamma(N^2\alpha\beta - N\alpha\gamma - N\alpha\mu + N\beta - \gamma - \mu)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} + \frac{\beta\gamma(N^2\alpha\beta - N\alpha\gamma - N\alpha\mu + N\beta - \gamma - \mu)(N\beta - \gamma - \mu)\alpha}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)^2(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)^2}$$

$$a_{23} = \frac{\beta(N\beta - \gamma - \mu)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)}$$

$$a_{32} = \gamma - \frac{\beta\gamma(N^2\alpha\beta - N\alpha\gamma - N\alpha\mu + N\beta - \gamma - \mu)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} + \frac{\beta\gamma(N^2\alpha\beta - N\alpha\gamma - N\alpha\mu + N\beta - \gamma - \mu)(N\beta - \gamma - \mu)\alpha}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)^2(N\alpha\mu + N\beta - \gamma)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)^2}$$

$$a_{33} = -\frac{\beta(N\beta - \gamma - \mu)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)\left(\frac{\alpha(N\beta - \mu - \gamma)}{(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta)} + 1\right)} - \mu$$

Diperoleh persamaan karakteristik sebagai berikut

$$\frac{1}{\beta(N\alpha + 1)^2} \left((N\alpha\beta\gamma\lambda + N\alpha\beta\gamma\mu + N\alpha\beta\lambda^2 + 2N\alpha\beta\lambda\mu + N\alpha\beta\mu^2 + N\beta^2\lambda + N\beta^2\mu - \alpha\gamma^2\lambda - \alpha\gamma^2\mu - 2\alpha\gamma\lambda\mu - 2\alpha\gamma\mu^2 - \alpha\lambda\mu^2 - \alpha\mu^3 - \beta\gamma\lambda - \beta\gamma\mu + \beta\lambda^2 - \beta\mu^2)(N\alpha\lambda + N\alpha\mu + N\beta - \gamma + \lambda) \right) = 0$$

Berdasarkan persamaan karakteristik diatas didapatkan tiga nilai eigen sebagai berikut

1. $\lambda_1 = -\mu$ karena setiap parameter diasumsikan positif maka λ_1 akan selalu bernilai negatif.

2. $\lambda_2 = -\frac{N\alpha\mu + N\beta - \gamma}{N\alpha + 1}$, λ_2 akan bernilai negatif jika $\frac{N\alpha\mu + N\beta - \gamma}{N\alpha + 1} > 0$
 $N\alpha\mu + N\beta - \gamma > 0$
 $N(\alpha\mu + \beta) > \gamma$
 $\alpha\mu + \beta > \frac{\gamma}{N}$
 $\beta > \frac{\gamma}{N} - \alpha\mu$

3. $\lambda_3 = -\frac{N\alpha\beta\gamma + N\alpha\beta\mu + N\beta^2 - \alpha\gamma^2 - 2\alpha\gamma\mu - \alpha\mu^2 - \beta\gamma - \beta\mu}{\beta(N\alpha + 1)}$,
 λ_3 akan bernilai negatif jika
 $N\alpha\beta\gamma + N\alpha\beta\mu + N\beta^2 - \alpha\gamma^2 - 2\alpha\gamma\mu - \alpha\mu^2 - \beta\gamma - \beta\mu > 0$
 $N\alpha\beta\gamma + N\alpha\beta\mu + N\beta^2 - \beta\gamma - \beta\mu > \alpha\gamma^2 - 2\alpha\gamma\mu - \alpha\mu^2$
 $\beta(N\alpha\gamma + N\alpha\mu + N\beta - \gamma - \mu) > \alpha(\gamma^2 - 2\gamma\mu - \mu^2)$
- $N\alpha\gamma + N\alpha\mu + N\beta - \gamma - \mu > 0$
 $N(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta) - \gamma - \mu > 0$
 $N(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta) > \mu + \gamma$
 $(\alpha\gamma + \alpha\mu + \beta) > \frac{\mu + \gamma}{N}$
 $\beta > \frac{\mu + \gamma}{N} - \alpha\gamma - \alpha\mu$
 $\beta > \frac{\mu + \gamma}{N} - \alpha(\mu + \gamma)$
 - $\alpha(\gamma^2 - 2\gamma\mu - \mu^2) > 0$
 $\alpha(\gamma - \mu)^2 > 0$
 karena nilai $\alpha > 0$ dan $(\gamma - \mu)^2 > 0$
 maka syarat tersebut terpenuhi.

Hasil analisis didapatkan bahwa titik kesetimbangan endemik stabil dengan syarat untuk λ_2 yaitu $\beta > \frac{\gamma}{N} - \alpha\mu$ dan untuk λ_3 yaitu $\beta > \frac{\mu + \gamma}{N} - \alpha(\mu + \gamma)$.

Berdasarkan analisa kestabilan yang telah dilakukan, terlihat bahwa pada titik endemik mensyaratkan bahwa nilai α positif sedemikian sehingga untuk nilai α sekecil apapun maka titik endemik bisa stabil atau menyebabkan endemik pada kasus ini.

Bilangan Reproduksi Dasar

Pada penentuan bilangan reproduksi dasar (R_0) dihitung dengan *next generation matrix*.

Misal $x = (I, S)$

$$\frac{dx}{dt} = F(x) - V(x)$$

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\beta I(S + R)}{1 + \alpha I} \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} (\gamma + \mu)I \\ -\mu N + \frac{\beta SI}{1 + \alpha I} + \mu S \end{bmatrix}$$

$$\frac{dx}{dt} = F(x_1, x_2) - V(x_1, x_2)$$

$$= \begin{bmatrix} \frac{\beta x_1(S + R)}{1 + \alpha x_1} \\ 0 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} (\gamma + \mu)x_1 \\ -\mu N + \frac{\beta x_2 x_1}{1 + \alpha x_1} + \mu x_2 \end{bmatrix}$$

Masing-masing diturunkan terhadap x_1, x_2

$$F = \begin{bmatrix} \beta(S + R) & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} (\gamma + \mu) & 0 \\ \beta S & \beta I + \mu \end{bmatrix}$$

$$V^{-1} = \frac{1}{(\beta I + \mu)(\gamma + \mu)} \begin{bmatrix} \beta I + \mu & 0 \\ -\beta S & (\gamma + \mu) \end{bmatrix}$$

$$K = FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta(S + R)}{(\gamma + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Substitusi titik bebas penyakit

$$K = FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta N}{(\gamma + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Sehingga diperoleh

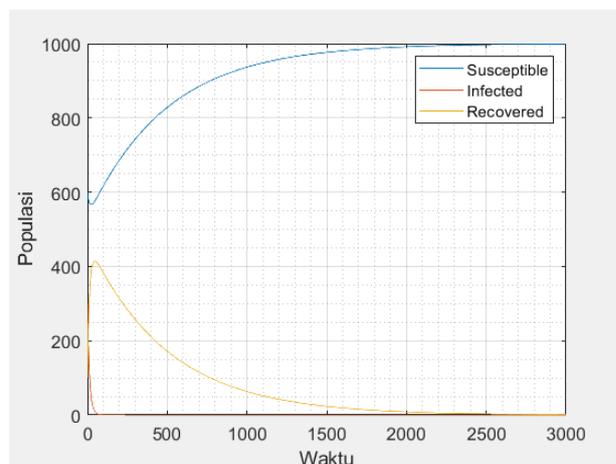
$$R_0 = \rho FV^{-1} = \frac{\beta N}{\mu + \gamma}$$

Pada saat $R_0 < 1$ berarti titik kesetimbangan bebas penyakit stabil sehingga dapat dikatakan bahwa penyakit ini bakal hilang seiring berjalannya waktu. Kemudian pada saat $R_0 > 1$ berarti titik kesetimbangan endemik menjadi stabil sehingga dapat diartikan bahwa penyakit ini bakal selalu ada.

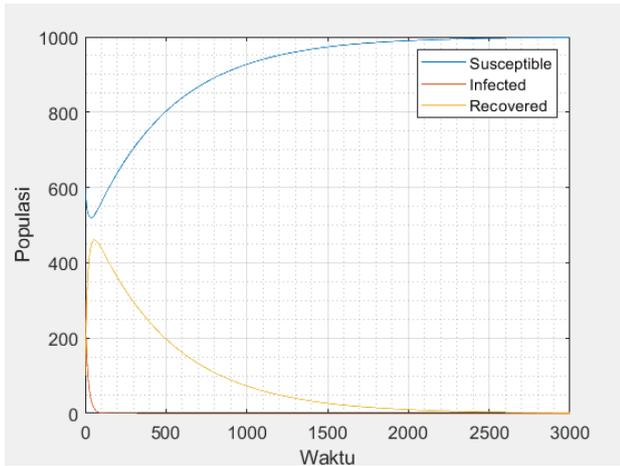
Simulasi

Simulasi dilakukan dengan menggunakan Matlab2019 dengan nilai awal diasumsikan $S = 600$, $I = 300$, $R = 100$ dengan parameter $\alpha = 0.0003$. Kemudian untuk $\gamma = 0.09871$, dan $\mu = 0.002$ diperoleh dari artikel penelitian oleh Din et al., (2020).

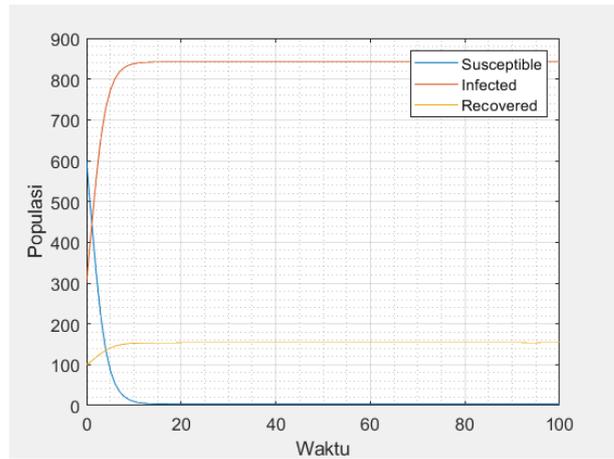
Pada simulasi yang akan dilakukan, diubah nilai β berdasarkan syarat kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit yaitu $\beta < 0.0001$. Sehingga diambil nilai $\beta = 0.00003, \beta = 0.00005$, dan $\beta = 0.00008$.



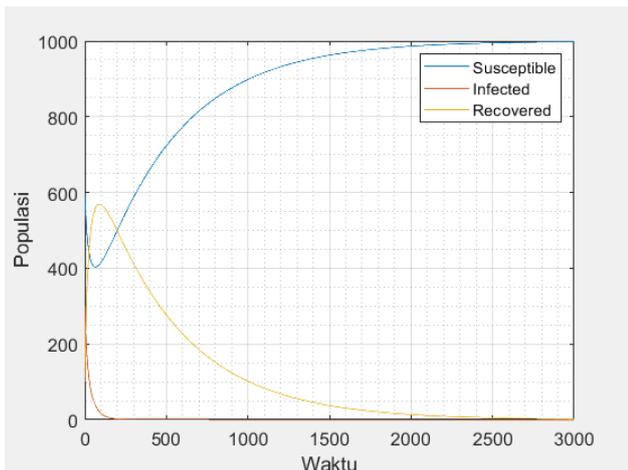
Gambar 1. Simulasi dengan $\beta = 0.00003$



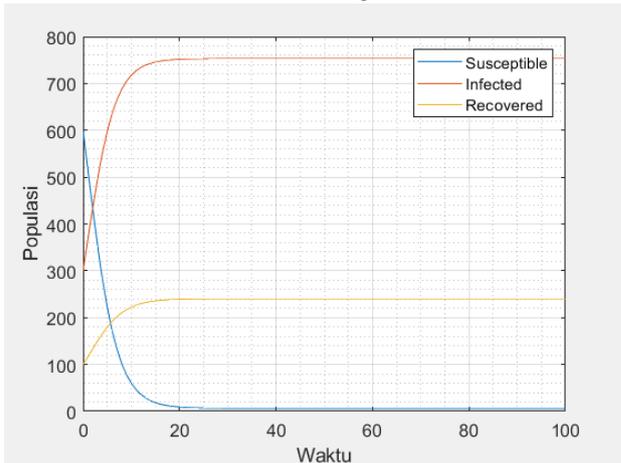
Gambar 2. Simulasi dengan $\beta = 0.00005$



Gambar 4. Simulasi dengan $\beta = 0.00008$



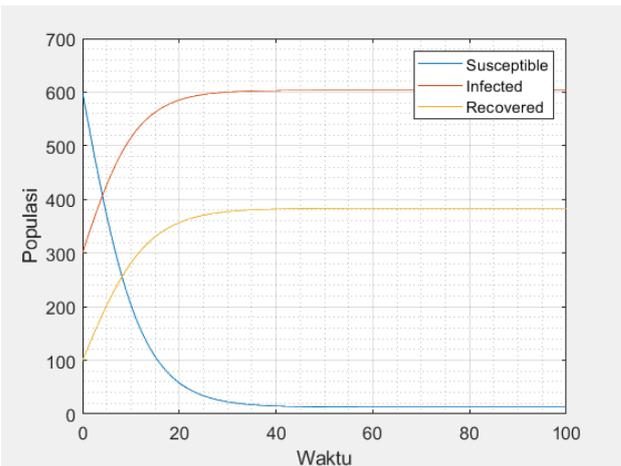
Gambar 3. Simulasi dengan $\beta = 0.00008$



Gambar 5. Simulasi dengan $\beta = 0.0005$

Berdasarkan Gambar 1, 2 dan 3 dapat dikatakan bahwa semakin kecil tingkat penularan (β) maka sub populasi terinfeksi semakin cepat mencapai nol, juga ketika diambil nilai $\beta = 0.00003$ diperoleh nilai $R_0 = 0.29789$, ketika diambil nilai $\beta = 0.00005$ diperoleh nilai $R_0 = 0.49648$, ketika diambil nilai $\beta = 0.00008$ diperoleh nilai $R_0 = 0.79436$. Dari ketiga nilai β tersebut diperoleh nilai $R_0 < 1$ yang berarti bahwa penyakit menghilang seiring berjalannya waktu.

Selanjutnya dilakukan simulasi dengan mengubah nilai β untuk syarat kestabilan titik kesetimbangan endemik yaitu $\beta > 0.0001$. Sehingga diambil nilai $\beta = 0.0008, \beta = 0.0005$, dan $\beta = 0.0003$.

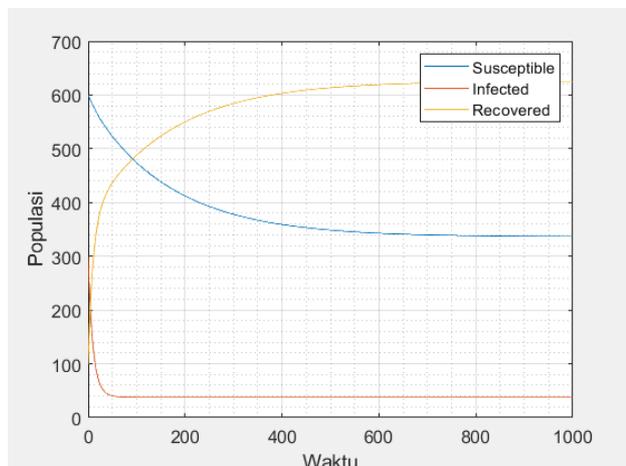


Gambar 6. Simulasi dengan $\beta = 0.0003$

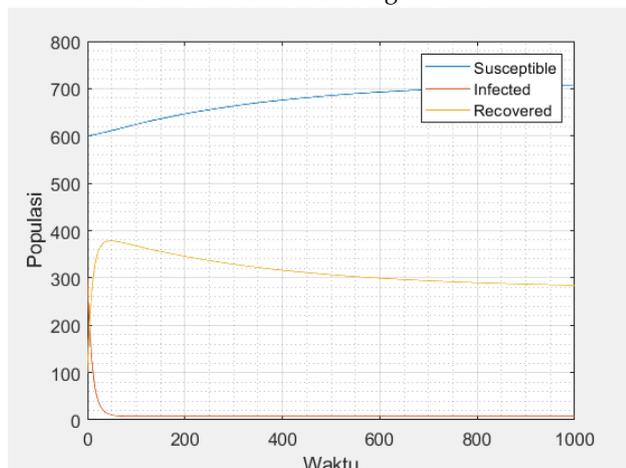
Berdasarkan Gambar 4, 5, dan 6 dapat dikatakan bahwa semakin besar tingkat penularan (β) maka sub populasi terinfeksi semakin cepat mencapai kestabilan titik endemik, juga ketika diambil nilai $\beta = 0.0008$ diperoleh nilai $R_0 = 7.9436$, ketika diambil nilai $\beta = 0.0005$ diperoleh nilai $R_0 = 4.9648$, ketika diambil nilai $\beta = 0.0003$ diperoleh nilai $R_0 = 2.9789$. Dari

ketiga nilai β tersebut diperoleh nilai $R_0 > 1$ yang dapat diartikan bahwa penyakit selalu ada.

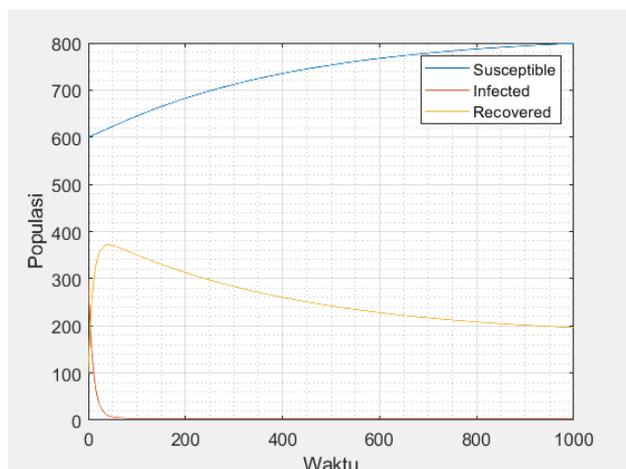
Selanjutnya dilakukan simulasi dengan menggunakan nilai $\beta = 0.0005$ dan mengubah nilai α untuk melihat pengaruh dari kerumunan pada kasus ini.



Gambar 7. Simulasi dengan $\alpha = 0.1$



Gambar 8. Simulasi dengan $\alpha = 0.5$



Gambar 9. Simulasi dengan $\alpha = 0.9$

Berdasarkan Gambar 7, ketika diambil nilai $\alpha = 0.1$ sub populasi I menuju ke titik 37.7722. Pada Gambar 8, diambil nilai $\alpha = 0.5$ sub populasi I menuju ke titik 7.8515. Pada Gambar 9, diambil nilai $\alpha = 0.9$ sub populasi I menuju ke titik 4.3811. Hal ini menunjukkan bahwa dengan memperbesar nilai α atau dengan kata lain memperkecil faktor kerumunan maka dapat dikatakan bahwa jumlah populasi terinfeksi semakin kecil. Dari ketiga simulasi tersebut dapat dikatakan bahwa dengan nilai $\beta = 0.0005$ dan mengambil tingkat kerumunan berapapun maka pada kasus ini menyebabkan endemik.

PENUTUP

SIMPULAN

Berdasarkan hasil pembahasan yang telah dilakukan diperoleh model SIRI COVID-19 dengan adanya faktor kerumunan sebagai berikut :

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N - \frac{\beta SI}{1+\alpha I} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta I(S+R)}{1+\alpha I} - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \frac{\beta RI}{1+\alpha I} - \mu R \end{aligned}$$

dengan dua titik kesetimbangan, yakni yang pertama titik keseimbangan bebas penyakit $D_0 = (N, 0, 0)$ kemudian yang kedua titik kesetimbangan endemik $D^* = (S^*, R^*, I^*)$. Analisa kestabilan titik kesetimbangan didapatkan bahwa pada titik endemik mensyaratkan nilai α positif sehingga dengan nilai α sekecil apapun maka titik endemik bisa stabil atau dapat menyebabkan endemik pada kasus ini, dengan memperbesar nilai α atau dengan kata lain memperkecil faktor kerumunan maka dapat dikatakan bahwa jumlah populasi terinfeksi semakin kecil. Bilangan reproduksi dasar didapatkan, pada saat $R_0 < 1$ titik kesetimbangan bebas penyakit stabil sehingga dapat berarti bahwa penyakit hilang seiring berjalannya waktu. Pada saat $R_0 > 1$ titik kesetimbangan endemik stabil yang dapat diartikan bahwa penyakit selalu ada.

SARAN

Penelitian ini membahas model SIRI COVID-19 dengan adanya pengaruh kerumunan. Diharapkan untuk penelitian selanjutnya bisa ditambahkan asumsi dan faktor lain yang dapat mempengaruhi laju COVID-19.

DAFTAR PUSTAKA

- Din, R. U., Shah, K., Ahmad, I., & Abdeljawad, T. (2020). Study of transmission dynamics of novel COVID-19 by using mathematical model. *Advances in Difference Equations*, 2020(1), 1-13.
- WHO. (2020). WHO director-general's opening remarks at the media briefing on COVID-19. *World Health Organization*.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A.P., Roberts, M. G. (2009). The Construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journa of The Royal Society Interface*.
- Finizio, J., & Ladas, T. 1982. *Persamaan Diferensial Biasa dengan Penerapan Modern*. Alih bahasa oleh Widiarti Santoso. Jakarta: Erlangga.
- Kartono. 2012. *Persamaan Diferensial Biasa*. Yogyakarta: Graha Ilmu
- KEMENKES PADK. 5M DI MASA PANDEMI COVID-19 DI INDONESIA. Diakses pada 3 Januari 2022 dari <http://www.pdk.kemkes.go.id/article/read/2021/02/01/46/5-m-dimasa-pandemi-covid-19-di-indonesia.html>
- 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.
- Kocak, H. & Hole, J.K. 1991. *Dynamic and Bifurcation*. New York: Springer -Verlag.
- KOMINFO JATIM. (2021, Mei 24). *IDI Jatim : Kerumunan Tanpa Protokol Kesehatan Rentan Penularan COVID-19*. <http://kominfo.jatimprov.go.id/read/umum/idi-jatim-kerumunan-tanpa-protokol-kesehatan-rentan-penularan-covid-19>
- Olsder, G. J. & Woude, J. W. 2003. *Mathematical Systems Theory*. Delft: Delft University Press
- Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical biosciences*, 180(1-2), 29-48.
- Van-den-Driessche, P., & Watmough, J. (2005). Reproduction number and sub-threshold endemic equilibria for computational models of diseases transmission. *Math Biosci*, 180, 1-21.
- Wiggins, S. (2003). Equilibrium Solutions, Stability, and Linearized Stability. *Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos*, 5-19.
- Worldometer. (2022). COVID-19 CORONAVIRUS PANDEMIC. Diakses pada 3 Januari 2022 dari <https://www.worldometers.info/coronavirus/>
- Yuliana, Y. (2020). Corona virus diseases (Covid-19): Sebuah tinjauan literatur. *Wellness And Healthy Magazine*, 2(1), 187-192.
- Zhang, Z., Zeb, A., Alzahrani, E., & Iqbal, S. (2020). Crowding effects on the dynamics of COVID-19 mathematical model. *Advances in Difference Equations*, 2020(1), 1-13.