

ANALISA KESTABILAN MODEL PENYEBARAN COVID-19 DENGAN VARIAN BARU

Nabila Izzatul Haq

Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

Email: nabila.18027@mhs.unesa.ac.id**Budi Priyo Prawoto**

Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

Penulis Korespondensi: budiprawoto@unesa.ac.id**Abstrak**

Pada dasarnya, semua virus yang muncul bisa berubah dan mengalami mutasi seiring berjalannya waktu. Salah satunya adalah virus corona atau SARS-CoV-2 yang muncul pada akhir tahun 2019. Varian-varian baru dari virus corona mempengaruhi laju penularan dan tingkat kekebalan atau efektifitas vaksin. Artikel ini akan membahas model penyebaran varian asli maupun varian baru covid-19 yang dapat berpengaruh pada kekebalan vaksin dan adanya re-infeksi virus. Penelitian ini menggunakan model dasar SIR yang dimodifikasi dengan tahapan penentuan asumsi awal, konstruksi model, penentuan titik equilibrium, dan simulasi numerik. Populasi pada penelitian dibagi menjadi subpopulasi rentan, subpopulasi yang mendapat vaksin, subpopulasi yang terinfeksi virus asli, subpopulasi yang terinfeksi varian virus baru, subpopulasi yang sembuh dari virus asli dan subpopulasi yang sembuh dari varian virus baru. Dari model yang dikonstruksi, didapatkan empat titik kesetimbangan. Titik bebas penyakit didapat ketika populasi yang terinfeksi dan sembuh dari virus asli maupun baru berjumlah nol, titik kesetimbangan varian baru didapat ketika populasi yang terinfeksi dan sembuh dari virus baru berjumlah nol. Sebaliknya, titik kesetimbangan varian asli muncul ketika populasi yang terinfeksi dan sembuh dari varian asli berjumlah nol. Dan titik endemik ketika populasi yang terinfeksi virus asli maupun virus baru tidak sama dengan nol. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis kestabilan pada setiap titik kesetimbangan dengan bantuan nilai R_0 . Analisa dilakukan melalui syarat nilai parameter dari tingkat efektifitas vaksin (p) dan tingkat penularan varian virus baru (δ).

Kata Kunci: Covid-19, Model SIR, Pemodelan Matematika**Abstract**

Basically, all emerging viruses can change and mutate over time. One of them is the corona virus or SARS-CoV-2 which emerged at the end of 2019. New variants of the corona virus affect the rate of transmission and the level of immunity or the effectiveness of the vaccine. This article will discuss the distribution model of the original variant and the new variant of COVID-19 that can affect vaccine immunity and the presence of virus re-infection. This study uses a modified SIR basic model with the stages of determining the initial assumptions, model construction, determining the equilibrium point, and numerical simulation. The population in the study was divided into susceptible subpopulations, vaccinated subpopulations, subpopulations infected with the original virus, subpopulations infected with the new virus variant, subpopulations that recovered from the original virus and subpopulations that recovered from the new virus variant. From the constructed model, four equilibrium points are obtained. The disease-free point is obtained when the population infected and recovered from the original or new virus is zero, the new variance equilibrium point is obtained when the population infected and recovered from the new virus is zero. On the other hand, the equilibrium point for the new variant appears when the population infected and recovered from the original variant is zero. And also the endemic point when the population infected with the original virus and the new virus is not equal to zero. This study aims to analyze the value at each equilibrium point with the help of R_0 . The analysis was carried out through the parameters of the effectiveness of the vaccine (p), and the rate of transmission of new virus variants (δ).

Keywords: Covid-19, SIR Model, Mathematical Modeling**PENDAHULUAN**

Pandemi Covid-19 yang muncul di akhir tahun 2019 ini merupakan wabah yang disebabkan oleh virus SARS-CoV-2. Dikutip dari (Masri et al, 2021) dalam buku yang berjudul *Everything About Corona*,

sebelumnya virus SARS-CoV yang muncul di tahun 2002-2003 telah mengakibatkan terjadinya wabah dan kematian di 29 negara. Total kasus SARS-CoV mencapai 8.096 dengan 774 diantaranya meninggal dunia. Virus tersebut menyebabkan angka kematian mencapai 9.6% dan kebanyakan menyebar di Cina

dan Hong Kong. Wabah corona pada tahun 2002-2003 tersebut hilang setelah melalui protokol karantina yang ketat (Masri et al, 2021). 18 tahun kemudian, di 2019, SARS-CoV-2 yang pertama kali muncul di Kota Wuhan, China, mencatat terdapat 296.496.809 kasus hingga awal tahun 2022. 5.462.631 kasus diantara meninggal dunia (WHO, per 6 Januari 2022).

Pada dasarnya, semua virus yang muncul bisa mengalami mutasi selama virus tersebut memiliki inang (Duffy, 2018). Mutasi terjadi karena adanya perubahan terhadap genetik suatu virus (RNA atau DNA) dan dapat terjadi pada urutan gen suatu virus atau biasa disebut mutasi titik, maupun perubahan taraf pada kromosom (Hardian et al, 2021). Begitu juga virus SARS-CoV yang dalam sebulan dapat bermutasi sebanyak satu sampai dua kali (Zhu et al, 2020). Desember 2020, mutasi SARS-CoV-2 yang dinamakan varian B.1.17 atau varian alfa muncul pertama kali di Inggris. Varian alfa ini yang menyebabkan 60% kasus aktif di Inggris sejak bulan September hingga Desember 2020. jika dianalisis secara statistik, penularan varian alfa terhitung lebih cepat 43-90% daripada varian aslinya (Hartono et al, 2021). Setelah varian alfa, menyusul dengan munculnya varian beta (varian B.1.351) di provinsi Eastern Cape Afrika Selatan. Varian ini muncul pada akhir tahun 2020 (Hartono et al, 2021). Vaksin yang beredar di masyarakat pun hanya memiliki tingkat efektivitas sebesar 10% pada varian beta (Madhi et al, 2021).

Varian P.1 atau dikenal sebagai varian gamma, muncul di Brazil pada rentang akhir tahun 2020 sampai awal tahun 2021. Mutasi virus gamma ini menyebabkan berkurangnya kemampuan tubuh dalam menetralkan virus melalui antibodi yang terbentuk, sehingga peningkatan kasus tetap terjadi (Faria et al, 2021). Sedangkan varian delta atau varian B.1.617.2 pertama kali muncul di India sekitar April 2021. Tingkat netralisasi virus dengan kekebalan dari individu yang terinfeksi varian alfa ataupun gamma, serta antibodi setelah vaksin mengalami penurunan. Varian delta juga memiliki tingkat penyebaran atau tingkat infeksi virus yang lebih tinggi dibandingkan dengan varian alfa (Hartono et al, 2021).

Mutasi virus SARS-CoV-2 yang memunculkan beberapa varian diatas menyebabkan terjadinya peningkatan infeksi dari virus dengan transmisi virusnya. Dengan kata lain, munculnya varian baru

dari Covid-19 dapat berpengaruh pada tingkat infeksi virus maupun tingkat efektifitas vaksin. Dalam penelitian ini, penulis menggabungkan asumsi dari beberapa varian virus yang muncul menjadi satu varian baru secara umum.

Penelitian ini merujuk pada penelitian yang dilakukan oleh (Fudolig et al, 2020) tentang analisa penyebaran munculnya varian virus baru secara umum, yang kemudian penulis tertarik untuk menganalisisnya dengan virus SARS-CoV-2 yang sedang mewabah. Asumsi ditambahkan dengan tidak adanya kekebalan terhadap varian virus baru. Penelitian ini bertujuan untuk menyusun dan mengetahui model matematika dari permasalahan yang ada menggunakan modifikasi model SIR untuk kemudian menganalisa kestabilan titik kesetimbangannya.

KAJIAN TEORI

SISTEM PERSAMAAN DIFERENSIAL

Sistem persamaan diferensial merupakan sistem yang terdiri dari beberapa persamaan diferensial. Ketika terdefinisi vektor $x \in K$, dimana $K \subseteq \mathbb{R}^n$ dengan $x = (x_1, x_2, x_3, \dots, x_n)^T$ dan $(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \in \mathbb{R}^n$. Maka fungsi $f : K \rightarrow \mathbb{R}^n$ dengan $f = (f_1, f_2, f_3, \dots, f_n)^T$, $f \in C^1(K)$ dimana $C^1(K)$ adalah himpunan semua fungsi dengan turunan pertama yang kontinu di K . Maka jika $\dot{x} = \frac{dx}{dt}$ dinyatakan sebagai turunan pertama x terhadap t dengan $x = g(t)$, maka sistem persamaan diferensial dapat dinyatakan dalam bentuk sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= f_1(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \\ \dot{x}_2 &= f_2(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \\ \dot{x}_3 &= f_3(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \\ &\vdots \\ \dot{x}_n &= f_n(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \end{aligned}$$

(Ross, 1984)

MODEL SIR

Model SIR (Suspectibel-Infected-Removed) dikembangkan oleh Ronald Ross, William Hamer dan lainnya pada awal abad ke-20 yang terdiri dari sistem persamaan differensial non-linier. Model SIR penyebaran penyakit dikonstruksi melalui beberapa asumsi yang kuat. Populasi dibagi menjadi tiga kelompok atau kompartemen, yaitu individu yang rentan (S), individu yang terinfeksi (I) dan individu yang sembuh (R) dengan ukuran subpopulasi pada

waktu t sehingga didefinisikan dengan $S(t), I(t)$ dan $R(t)$.

Sistem persamaan model SIR dinyatakan dengan $\frac{dS}{dt} = -\beta SI, \frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I$ dan $\frac{dR}{dt} = \nu I$. Dimana tingkat penyebaran virus sebesar $\beta > 0$ dan tingkat kesembuhan sebesar $\nu > 0$. $\frac{dS}{dt}, \frac{dI}{dt}, \frac{dR}{dt}$ merupakan laju perubahan individu rentan, terinfeksi dan sembuh pada waktu t .

Total populasi dimisalkan N dan bisa dinyatakan bahwa $R(t) = N - S(t) - I(t)$.

(Weiss, 2013)

TITIK KESETIMBANGAN

Titik kesetimbangan yang digunakan untuk menganalisa sistem persamaan merupakan titik yang memiliki nilai tetap pada suatu waktu t . Dengan suatu sistem $\dot{x} = f(x)$ dengan $x \in \mathbb{R}^n$, titik $\bar{x} \in \mathbb{R}^n$ dinyatakan sebagai titik kesetimbangan dari $\dot{x} = f(x)$ jika memenuhi $f(\bar{x}) = 0$.

(Wiggins, 2003)

LINEARISASI

Linearisasi dilakukan untuk mengubah sistem persamaan diferensial non-linear ke dalam bentuk sistem persamaan diferensial linier. Linearisasi dilakukan dengan bantuan matriks Jacobi. Dengan suatu fungsi $f = (f_1, f_2, \dots, f_n)$ pada sistem $\dot{x} = f(x)$ dengan $f_i \in C(E), i = 1, 2, \dots, n$.

Dan matriks Jacobi yang diberikan dari f di titik \bar{x} adalah:

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

Maka linearisasi dari sistem nonlinear $\dot{x} = f(x)$ di sekitaran titik \bar{x} adalah $\dot{x} = Jf(\bar{x})(x - \bar{x})$

(Arsyad et al, 2020) dan (Anton, 1991)

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Bilangan Reproduksi Dasar merupakan konsep dasar dalam penelitian epidemiologi. Kuantitas yang dilambangkan dengan R_0 ini dapat mewakili jumlah infeksi pada suatu populasi. Pada abad terakhir, R_0 telah menjadi kunci untuk mencegah kemunculan epidemi.

Untuk mencari R_0 , digunakan perhitungan dengan Next Generation Matrix (NGM). NGM menggunakan kompartemen model yang hanya bergantung pada populasi terinfeksi dan mengabaikan populasi rentan.

F_i merupakan laju perubahan individu baru terinfeksi di kompartemen terinfeksi. Sedangkan V_i merupakan laju perubahan individu yang berpindah dari kompartemen yang bergantung pada infeksi virus. F dan V didefinisikan sebagai matriks dengan

$$F = \left[\frac{\partial F_i}{\partial x_j}(\sigma^0) \right] \text{ dan } V = \left[\frac{\partial V_i}{\partial x_j}(\sigma^0) \right].$$

Maka NGM yang biasa disebut dengan matriks K , dapat diperoleh melalui $K = FV^{-1}$. Nilai eigen dari matriks K merupakan nilai Bilangan Reproduksi Dasar (R_0).

(Dauhoo et al, 2018) dan (Diekkman et al, 2009)

SYARAT KESTABILAN

Syarat kestabilan suatu titik kesetimbangan dilihat dengan mengidentifikasi nilai R_0 . Ketika nilai $R_0 > 1$, maka titik kesetimbangan bebas penyakit pada sistem dinyatakan tidak stabil. Sebaliknya, jika nilai $R_0 < 1$, maka titik kesetimbangan bebas penyakit pada sistem akan stabil asimtotik.

(Dauhoo et al, 2018)

METODE

Studi literatur pada penelitian kali ini merujuk pada artikel (Miguel Fudolig & Reka Howard, 2020) yang mengambil topik tentang penyebaran virus secara umum dengan munculnya varian baru. Sedangkan pada penelitian ini lebih merujuk pada penyebaran virus covid-19 dan dilakukan modifikasi dengan mengasumsikan adanya reinfeksi pada varian virus baru sehingga tidak ada kekebalan untuk varian virus baru. Eksperimen juga dilakukan pada nilai parameter dan nilai awal untuk analisa kestabilan dan simulasi numerik. Data penelitian yang digunakan dalam artikel ini adalah data sekunder yang diadaptasi dari beberapa rujukan artikel.

Rancangan penelitian ini dimulai dengan studi literatur mengenai penyakit menular covid-19 dengan munculnya varian baru dan metode SIR model. Kemudian menentukan asumsi-asumsi yang digunakan dalam penelitian serta menyusun diagram kompartemen dan model matematika dari asumsi awal yang ditetapkan. Dari model yang dimiliki, akan dicari titik kesetimbangan yang

muncul. Melalui titik kesetimbangan yang ada, akan dianalisa kestabilan sistem melalui bilangan reproduksi dasar. Tahap terakhir adalah melakukan simulasi numerik terhadap model matematika dengan bantuan software MATLAB dan menarik kesimpulan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

ASUMSI DAN MODEL MATEMATIKA

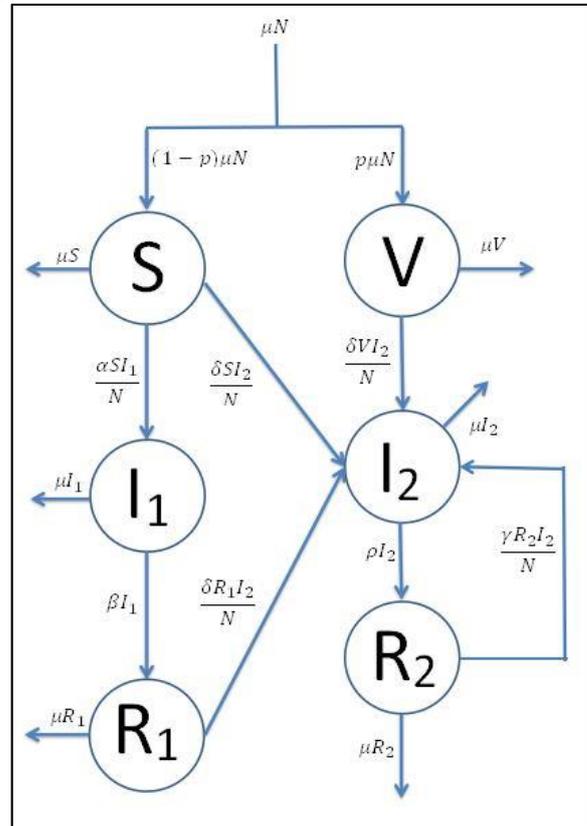
Diasumsikan pada awalnya, hanya ada varian virus asli yang berkembang di populasi, dengan tingkat infeksi varian virus asli sebesar α . Individu yang lahir terbagi menjadi dua, yaitu yang mendapat vaksin dan tidak mendapat vaksin. Individu yang memperoleh kekebalan terhadap varian virus asli adalah individu yang mendapatkan vaksin dengan tingkat vaksinasi sebesar p , atau ketika individu sembuh dari infeksi virus asli dengan tingkat kesembuhan varian virus asli sebesar β . Setelah kesetimbangan dengan varian virus asli tercapai, muncul varian virus baru. Munculnya varian virus baru dapat disebabkan oleh mutasi virus, pergeseran antigenik, atau sumber eksternal (Fudolig et al, 2020). Kompartemen yang digunakan untuk subpopulasi adalah enam kompartemen sebagai berikut: (1) individu rentan, (2) individu terinfeksi varian virus asli, (3) individu sembuh dari varian virus asli, (4) individu tervaksin, (5) individu terinfeksi varian virus baru dan (6) individu yang sembuh dari varian virus baru.

Vaksin yang beredar di populasi hanya membuat kekebalan terhadap varian virus asli. Sehingga individu yang tervaksin akan rentan terhadap varian virus baru. Sedangkan untuk individu yang sembuh dari varian virus asli, dapat menjadi rentan terhadap varian virus baru. Tingkat individu dapat terinfeksi oleh varian virus baru sebesar δ . Namun individu yang terinfeksi oleh varian virus asli harus benar-benar sembuh dari infeksi varian asli sebelum menjadi rentan terhadap varian baru. Yang artinya, tidak ada koinfeksi antara varian virus asli dan varian virus baru.

Pada varian virus baru, individu tidak dapat memperoleh kekebalan. Individu dapat sembuh dari infeksi varian virus baru dengan tingkat kesembuhan ρ . Namun, individu yang sembuh dari infeksi varian virus baru dapat terinfeksi kembali oleh varian virus baru dengan tingkat reinfeksi sebesar γ

Dalam populasi, diasumsikan tidak ada imigrasi atau emigrasi sehingga populasi dikatakan tertutup. Tingkat kelahiran sama dengan tingkat kematian yaitu sebesar μ , sehingga populasi bersifat konstan. Diasumsikan bahwa individu yang terinfeksi virus asli maupun baru mendapat perawatan yang efektif sehingga tidak ada kematian yang disebabkan oleh infeksi virus.

Maka berdasarkan asumsi yang ada, didapatkan diagram kompartemen dan model matematika seperti berikut:



Gambar 1. Diagram Kompartemen

$$\frac{dS}{dt} = (1 - p)\mu - \frac{\alpha SI_1}{N} - \frac{\delta SI_2}{N} - \mu S, \tag{1}$$

$$\frac{dI_1}{dt} = \frac{\alpha SI_1}{N} - \beta I_1 - \mu I_1, \tag{2}$$

$$\frac{dR_1}{dt} = \beta I_1 - \frac{\delta R_1 I_2}{N} - \mu R_1, \tag{3}$$

$$\frac{dV}{dt} = (p)\mu - \frac{\delta VI_2}{N} - \mu V, \tag{4}$$

$$\frac{dI_2}{dt} = \frac{\delta VI_2 + \delta SI_2 + \delta R_1 I_2 + \gamma R_2 I_2}{N} - \rho I_2 - \mu I_2, \tag{5}$$

$$\frac{dR_2}{dt} = \rho I_2 - \frac{\gamma R_2 I_2}{N} - \mu R_2. \tag{6}$$

Masing-masing kompartemen dan parameter dalam model dijelaskan dalam tabel di bawah ini:

Tabel 1. Deskripsi Kompartemen dan Parameter

| Simbol | Keterangan |
|----------|---|
| S | Individu rentan terhadap varian virus asli maupun virus baru dan belum mendapat vaksin |
| V | Individu yang mendapat vaksin sehingga memiliki kekebalan terhadap varian virus asli namun rentan terhadap virus baru |
| I_1 | Individu yang terinfeksi oleh varian virus asli |
| R_1 | Individu yang sembuh dari infeksi varian virus asli dan mendapat kekebalan terhadap virus asli namun rentan terhadap virus baru |
| I_2 | Individu yang terinfeksi varian virus baru |
| R_2 | Individu yang sembuh dari infeksi varian virus baru namun dapat terinfeksi kembali oleh virus baru |
| μ | Tingkat kelahiran dan kematian. |
| p | Tingkat vaksinasi |
| α | Tingkat infeksi varian virus asli |
| β | Tingkat kesembuhan varian virus asli |
| δ | Tingkat infeksi varian virus baru |
| γ | Tingkat re-infeksi varian virus baru |
| ρ | Tingkat kesembuhan varian virus baru |

Karena populasi konstan, dapat dilakukan pendekatan penskalaan (*rescaling*) pada persamaan 1-6 menggunakan transformasi berikut:

$$s = \frac{S}{N}, i_1 = \frac{I_1}{N}, r_1 = \frac{R_1}{N}, v = \frac{V}{N}, i_2 = \frac{I_2}{N}, r_2 = \frac{R_2}{N}.$$

Maka persamaannya dapat menjadi:

$$\frac{ds}{dt} = (1 - p)\mu - \alpha s i_1 - \delta s i_1 - \mu s, \tag{7}$$

$$\frac{di_1}{dt} = \alpha s i_1 - \beta i_1 - \mu i_1, \tag{8}$$

$$\frac{dr_1}{dt} = \beta i_1 - \delta r_1 i_2 - \mu r_1, \tag{9}$$

$$\frac{dv}{dt} = (p)\mu - \delta v i_2 - \mu v, \tag{10}$$

$$\frac{di_2}{dt} = \delta v i_2 + \delta s i_2 + \delta r_1 i_2 + \gamma r_2 i_2 - \rho i_2 - \mu i_2, \tag{11}$$

$$\frac{dr_2}{dt} = \rho i_2 - \gamma r_2 i_2 - \mu r_2. \tag{12}$$

TITIK KESETIMBANGAN

Berdasarkan persamaan 7-12, didapatkan empat titik kesetimbangan $(s, i_1, r_1, v, i_2, r_2)$ dengan membuat semua sistem sama dengan nol. Titik

kesetimbangan bebas penyakit (E_1) dengan $(1 - p, 0, 0, p, 0, 0)$, titik kesetimbangan bebas varian virus baru (E_2) dengan $(\frac{\beta + \mu}{\alpha}, -\frac{(\alpha p - \alpha + \beta + \mu)\mu}{\alpha(\beta + \mu)}, -\frac{\beta(\alpha p - \alpha + \beta + \mu)}{\alpha(\beta + \mu)}, p, 0, 0)$, titik kesetimbangan bebas varian virus asli (E_3) dengan $(s^*, 0, 0, v^*, i_2^*, i_1^*)$ dan titik kesetimbangan endemik (E_4) dengan $(s^*, i_1^*, r_1^*, v^*, i_2^*, r_2^*)$.

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

R_0 didapat dengan *Next Generation Matrix* (NGM). Menggunakan persamaan 8 yaitu kompartemen infeksi varian virus asli dan persamaan 11 dengan kompartemen infeksi varian virus baru. Maka dinyatakan matriks $\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \alpha s i_1 \\ \delta v i_2 + \delta s i_2 + \delta r_1 i_2 + \gamma r_2 i_2 \end{bmatrix}$ dan matriks $\mathcal{V} = \begin{bmatrix} \beta i_1 + \mu i_1 \\ \rho i_2 + \mu i_2 \end{bmatrix}$. Dilakukan linearisasi, maka matriks \mathcal{F} dan \mathcal{V} menjadi matriks $F = \begin{bmatrix} \alpha S & 0 \\ 0 & \delta V + \delta S + \delta R_1 + \gamma R_2 \end{bmatrix}$ dan $V = \begin{bmatrix} \beta + \mu & 0 \\ 0 & \rho + \mu \end{bmatrix}$. NGM = FV^{-1} , maka NGM = $\begin{bmatrix} \frac{\alpha s}{(\beta + \mu)} & 0 \\ 0 & \frac{\delta v + \delta s + \delta r_1 + \gamma r_2}{(\rho + \mu)} \end{bmatrix}$.

Untuk memperoleh R_0 , dicari nilai eigen dari NGM. Berdasarkan NGM yang ada, didapat dua nilai eigen, yaitu: $\Lambda_1 = \frac{\alpha s}{\beta + \mu}$ dan $\Lambda_2 = \frac{\delta v + \delta s + \delta r_1 + \gamma r_2}{(\rho + \mu)}$.

Maka, $R_{01} = \frac{\alpha s}{\beta + \mu}$ dan $R_{02} = \frac{\delta v + \delta s + \delta r_1 + \gamma r_2}{(\rho + \mu)}$.

Titik kesetimbangan bebas penyakit $(s, i_1, r_1, v, i_2, r_2 = 1 - p, 0, 0, p, 0, 0)$ disubstitusikan ke dalam R_0 , sehingga diperoleh persamaan sebagai berikut:

$$R_{01} = \frac{\alpha(1 - p)}{\beta + \mu}.$$

$$R_{02} = \frac{\delta p + \delta(1 - p)}{(\rho + \mu)} = \frac{\delta}{(\rho + \mu)}.$$

ANALISA KESTABILAN

Analisa kestabilan dilakukan melalui nilai R_0 . Dua nilai R_0 yang didapat merujuk pada dua jenis varian virus yang berbeda, varian virus asli (R_{01}) dan varian virus baru (R_{02}). Analisis dilakukan dengan mengontrol parameter p atau tingkat vaksinasi pada R_{01} dan parameter δ atau tingkat infeksi varian virus baru pada R_{02} .

Dilakukan analisa dengan empat kondisi populasi yang berbeda berdasarkan titik kesetimbangan yang ada. Empat kondisi tersebut adalah:

1. Kondisi populasi bebas dari penyakit.

Kondisi populasi ketika bebas dari penyakit dinyatakan ketika jumlah individu yang terinfeksi kedua varian virus tidak mengalami kenaikan dan mendekati angka nol pada waktu tertentu. Syarat yang harus dipenuhi adalah $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$. Maka diperoleh:

$$R_{01} < 1, \\ \frac{\alpha(1-p)}{\beta + \mu} < 1, \\ p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}.$$

Dan,

$$R_{02} < 1, \\ \frac{\delta}{(\rho + \mu)} < 1, \\ \delta < \rho + \mu.$$

Maka syarat untuk kondisi populasi bebas penyakit adalah $p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta < \rho + \mu$.

2. Kondisi populasi bebas dari varian virus baru.

Kondisi populasi ketika bebas dari varian virus baru diperoleh ketika jumlah individu yang terinfeksi oleh varian virus baru tidak mengalami peningkatan dan mendekati angka nol pada waktu tertentu. Namun, individu yang terinfeksi oleh varian virus asli tetap ada. Syarat yang harus dipenuhi dari R_0 adalah $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$. Diperoleh untuk $R_{01} > 1$ adalah:

$$R_{01} > 1, \\ \frac{\alpha(1-p)}{\beta + \mu} > 1, \\ p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}.$$

Maka syarat kondisi populasi bebas dari varian virus baru diperoleh ketika $p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta < \rho + \mu$.

3. Kondisi populasi bebas dari varian virus asli.

Kondisi ketiga adalah kebalikan dari kondisi kedua. Kondisi populasi ketika bebas dari varian virus asli didapatkan ketika jumlah individu yang terinfeksi oleh varian virus asli tidak mengalami peningkatan dan mendekati angka nol pada waktu tertentu. Sedangkan untuk individu yang terinfeksi varian virus baru dinyatakan tetap ada. Dari R_0 , syarat yang harus terpenuhi untuk kondisi ketiga adalah $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$. Diperoleh untuk $R_{02} > 1$ adalah:

$$R_{02} > 1, \\ \frac{\delta}{(\rho + \mu)} > 1, \\ \delta > \rho + \mu.$$

Maka kondisi populasi bebas dari varian virus asli diperoleh ketika $p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta > \rho + \mu$.

4. Kondisi populasi endemik.

Kondisi terakhir adalah ketika kondisi populasi endemik. Yang artinya, kedua varian virus, virus asli maupun virus baru tetap ada dalam sebuah populasi. Jumlah individu yang terinfeksi virus asli maupun virus baru konstan pada waktu tertentu. Syarat yang harus dipenuhi adalah $R_{01} > 1$ dan $R_{02} > 1$. Maka kondisi populasi dinyatakan endemik ketika $p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta > \rho + \mu$.

SIMULASI NUMERIK

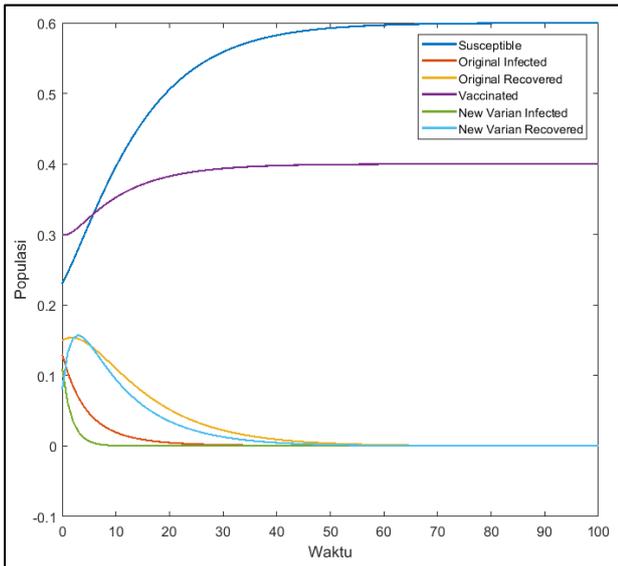
Melalui analisa kestabilan, didapatkan syarat untuk empat kondisi berbeda. Simulasi numerik dilakukan terhadap kondisi populasi bebas penyakit sampai kondisi endemik. Nilai awal dan nilai parameter merujuk dari asumsi dan beberapa artikel pendukung yang membahas penyakit Covid-19 yaitu (Diagne et al, 2021), (Khyar et al, 2020) dan (McMahon, 2020). Nilai awal dan parameter awal yang akan digunakan adalah sebagai berikut:

Tabel 2. Nilai Awal dan Nilai Parameter Awal

| Kompartemen | | Parameter | |
|-------------|-------|-----------|-------|
| Variabel | Nilai | Simbol | Nilai |
| S | 0.23 | μ | 0.1 |
| V | 0.30 | p | 0.4 |
| I_1 | 0.13 | α | 0.35 |
| R_1 | 0.15 | β | 0.2 |
| I_2 | 0.11 | δ | 0.4 |
| R_2 | 0.08 | γ | 0.02 |
| | | ρ | 0.75 |

1. Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Kondisi populasi ketika bebas dari kedua varian adalah jika memenuhi syarat $p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta < \rho + \mu$. Maka dengan mensubstitusikan nilai parameter pada Tabel 2, didapatkan syarat nilai $p > 0.142$ dan $\delta < 0.85$. Maka simulasi numerik dilakukan dengan mengambil nilai parameter dengan syarat tersebut, yaitu $p = 0.4$ dan $\delta = 0.4$. Menghasilkan grafik simulasi seperti berikut:

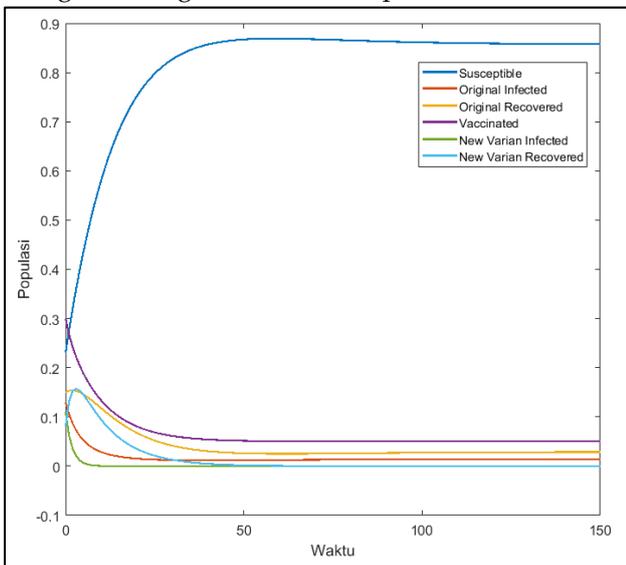


Gambar 2. Grafik simulasi bebas penyakit dengan $p = 0.4$ dan $\delta = 0.4$ pada interval waktu $t = 100$

Dengan mengambil nilai parameter untuk titik bebas penyakit, nilai R_0 yang diperoleh adalah $R_{01} = 0.7$ dan $R_{02} = 0.47$. Karena $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$, maka sistem stabil asimtotik dan bebas dari varian virus asli maupun varian virus baru. Gambar 2 menunjukkan, simulasi sistem pada waktu $t = 100$ akan menuju nol untuk garis infeksi varian asli (jingga) dan varian baru (biru).

2. Titik Kesetimbangan Bebas Varian Virus Baru

Populasi dikatakan bebas dari varian virus baru ketika memenuhi syarat $p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta < \rho + \mu$. Dengan nilai parameter awal, diperoleh syarat nilai $p < 0.142$ dan $\delta < 0.85$. Untuk memenuhi syarat, maka mengambil nilai $p = 0.05$ dan $\delta = 0.4$. Menghasilkan grafik simulasi seperti berikut:

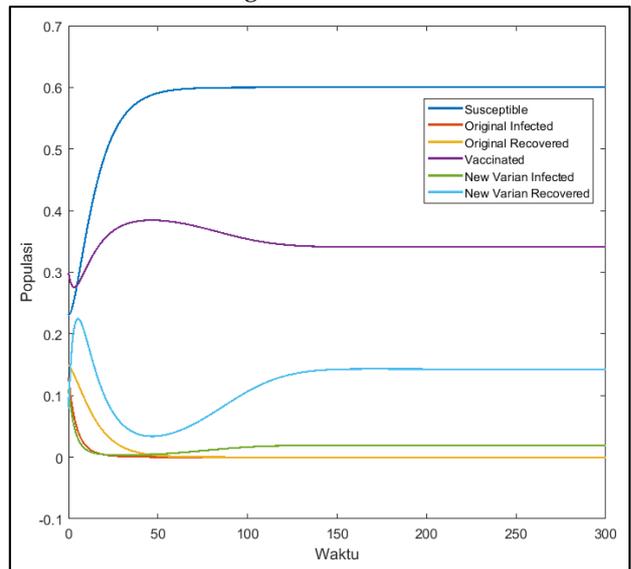


Gambar 3. Grafik simulasi bebas varian virus baru dengan $p = 0.05$ dan $\delta = 0.4$ pada interval waktu $t = 150$

Nilai R_0 yang didapat dengan mensubstitusikan parameter pada syarat titik kesetimbangan bebas varian virus baru adalah $R_{01} = 1.1$ dan $R_{02} = 0.47$. Artinya, titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil pada varian virus baru dan menjadi tidak stabil pada varian virus asli. Dengan simulasi $t = 150$ pada Gambar 3, garis biru menunjukkan jumlah individu yang terinfeksi varian baru mengalami penurunan dan konstan mendekati nol. Sedangkan garis jingga yang menunjukkan individu yang terinfeksi oleh varian virus asli mengalami penurunan namun konstan pada jumlah infeksi tertentu.

3. Titik Kesetimbangan Bebas Varian Virus Asli

Populasi dikatakan bebas varian virus asli ketika syarat $p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta > \rho + \mu$ terpenuhi. Maka dengan mensubstitusikan nilai parameter, memperoleh syarat $p > 0.142$ dan $\delta > 0.85$. Maka dilakukan simulasi dengan nilai yang memenuhi yaitu $p = 0.4$ dan $\delta = 0.9$. Maka grafik simulasi yang muncul adalah sebagai berikut:



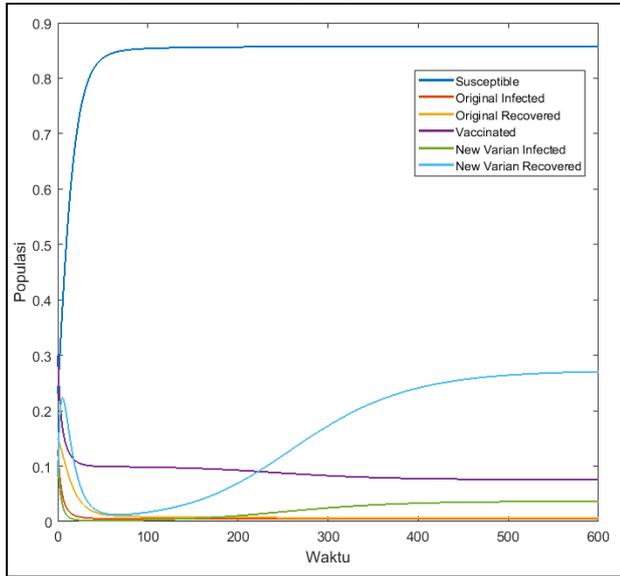
Gambar 4. Grafik simulasi bebas varian virus asli dengan $p = 0.4$ dan $\delta = 0.9$ pada interval waktu $t = 300$

Dengan mengambil nilai parameter sesuai syarat yang ada, nilai $R_{01} = 0.7$ dan $R_{02} = 1.05$. Maka, dikatakan titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil pada varian virus asli, namun tidak stabil pada varian virus baru. Berdasarkan simulasi di Gambar 4, pada $t = 300$, jumlah individu yang terinfeksi varian virus asli akan mendekati nol (garis jingga) dan

individu yang terinfeksi varian virus baru akan tetap ada pada jumlah tertentu.

4. Titik Kesetimbangan Endemik

Kondisi populasi dikatakan endemik ketika memenuhi syarat $p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta > \rho + \mu$. Dengan mensubstitusikan nilai parameter awal, syarat yang harus dipenuhi adalah $p < 0.142$ dan $\delta > 0.85$. Maka nilai parameter yang memenuhi syarat adalah $p = 0.1$ dan $\delta = 0.9$. Menggunakan nilai parameter tersebut, grafik simulasi yang muncul adalah:



Gambar 5. Grafik simulasi bebas varian virus asli dengan $p = 0.1$ dan $\delta = 0.9$ pada interval waktu $t = 600$

Pada simulasi numerik untuk R_0 parameter yang memenuhi syarat, nilai R_0 didapat $R_{0_1} = 1.05$ dan $R_{0_2} = 1.05$. Karena $R_{0_1} > 1$ dan $R_{0_2} > 1$, maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil pada varian virus asli maupun virus baru. Jumlah individu yang terinfeksi oleh kedua varian masih tetap ada sampai waktu tertentu. Dengan simulasi grafik pada Gambar 5, terlihat bahwa garis biru yang menunjukkan infeksi varian virus baru akan tetap konstan dengan jumlah tertentu pada waktu $t = 600$. Sedangkan jumlah infeksi varian virus asli yang direpresentasikan dengan garis jingga, terlihat mendekati nol. Jika melihat hasil numerik, akan terlihat jumlah individu yang terinfeksi varian virus asli sebesar 0.0040 pada $t = 600$. Yang artinya, jumlah individu yang terinfeksi tetap ada. Sehingga kondisi populasi dikatakan endemik.

Pada artikel rujukan (Fudolig et al, 2020), analisa kestabilan melalui empat titik kesetimbangan yang muncul dilakukan dengan mengidentifikasi nilai R_0

pada masing-masing titik. Melalui artikel rujukan tersebut, penelitian ini juga melakukan analisa melalui nilai R_0 , namun dengan menambahkan syarat kestabilan dengan parameter acuan p (tingkat vaksinasi individu) dan δ (tingkat infeksi varian virus baru).

PENUTUP

SIMPULAN

Dari pembahasan, model matematika munculnya varian baru Covid-19 diperoleh sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= (1 - p)\mu - \frac{\alpha SI_1}{N} - \frac{\delta SI_1}{N} - \mu S, \\ \frac{dI_1}{dt} &= \frac{\alpha SI_1}{N} - \beta I_1 - \mu I_1, \\ \frac{dR_1}{dt} &= \beta I_1 - \frac{\delta R_1 I_2}{N} - \mu R_1, \\ \frac{dV}{dt} &= (p)\mu - \frac{\delta V I_2}{N} - \mu V, \\ \frac{dI_2}{dt} &= \frac{\delta V I_2 + \delta S I_2 + \delta R_1 I_2 + \gamma R_2 I_2}{N} - \rho I_2 - \mu I_2, \\ \frac{dR_2}{dt} &= \rho I_2 - \frac{\gamma R_2 I_2}{N} - \mu R_2. \end{aligned}$$

Dari model diatas, muncul empat titik kesetimbangan berbeda, yaitu (1) titik kesetimbangan bebas penyakit yang stabil ketika nilai $p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta < \rho + \mu$, (2) titik kesetimbangan bebas varian virus baru, stabil dengan nilai $p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta < \rho + \mu$. (3) Titik kesetimbangan bebas varian virus asli akan stabil dengan $p > \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta > \rho + \mu$ dan (4) titik kesetimbangan endemik stabil ketika nilai $p < \frac{\beta + \mu - \alpha}{-\alpha}$ dan $\delta > \rho + \mu$.

Dengan analisa kestabilan tersebut. Disimpulkan bahwa penyebaran varian virus asli maupun baru dapat dikontrol melalui tingkat efektivitas vaksin (p) dan tingkat infeksi varian virus baru (δ). Vaksin hanya berpengaruh pada varian virus asli, karena itu ketika tingkat efektivitas vaksin dinaikkan (dengan batas $p = 0.142$), infeksi varian virus asli akan menurun sehingga titik kesetimbangan bebas penyakit dan bebas varian asli menjadi stabil. Sebaliknya, jika efektivitas vaksin diturunkan maka infeksi varian virus asli akan meningkat atau tetap ada.

Sedangkan pada parameter δ , ketika nilai parameter diturunkan (dengan batas $\delta = 0.85$) akan mengurangi infeksi varian virus baru hingga titik kesetimbangan bebas penyakit dan bebas varian baru menjadil stabil. Namun ketika tingkat infeksi virus baru dinaikkan, titik kesetimbangan bebas penyakit

dan bebas varian baru tidak stabil sehingga menghasilkan kondisi endemik.

SARAN

Dalam penelitian di artikel ini, analisa dilakukan ketika terdapat dua varian virus Covid-19 dalam populasi. Namun pada kenyataannya, virus SARS-CoV-2 telah bermutasi lebih dari dua kali sehingga terdapat lebih dari dua varian dalam populasi. Peneliti selanjutnya bisa mengulas lebih lanjut bagaimana kesetimbangan dalam sebuah populasi akan tercapai jika terdapat lebih dari dua varian dengan menambah asumsi maupun variabel baru. Selain itu, simulasi numerik juga bisa dilakukan dengan mengontruksi parameter-parameter baru.

DAFTAR PUSTAKA

- Anton, H., 1991, Aljabar Linear Elementer, Jakarta, Erlangga.
- Arsyad, S. H., Resmawan, Achmad, N. (2020). Analisis Model Predator-Prey Leslie-Gower Dengan Pemberian Racun Pada Predator. *J. Ris. & Ap. Mat.* Vol. 4 No. 1 (2020) pp. 1-16. <http://dx.doi.org/10.26740/jram.v4n1.p1-16>
- Dauhoo M., Dumas L., Gabriel P., Lafitte P. (2018). An Introduction To The Basic Reproduction Number In Mathematical Epidemiology. *ESAIM: ProcS*, 62 (2018) 123-138. <https://doi.org/10.1051/proc/201862123>
- Diagne, M. L., Rwezaura, H., Tchoumi S. Y., Tchuenche J. M. (2021). A Mathematical Model of COVID-19 with Vaccination and Treatment. *Hindawi, Computational and Mathematical Methods in Medicine*. <https://doi.org/10.1155/2021/1250129>
- Diekmann O., Heesterbeek J. A. P., Roberts M. G. (2009). The Construction of Next-Generation Matrices for Compartmental Epidemic Models. *J. R. Soc. Interface* (2010) 7, 873-885. <https://doi:10.1098/rsif.2009.0386>
- Duffy S. (2018). Why are RNA Virus Mutation Rates so Damn High? *PLoS Biol* 16(8): e3000003. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000003>
- Faria, N.R., Mellan, T.A, Whittaker, C., Claro, I.M., Candido, D.d.S., & Mishra, S. (2021). Genomics and epidemiology of the P.1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil. *Science*. 372 (6544), 815. <https://doi.org/10.1126/science.abh2644>
- Fudolig M., Howard R. (2020). The Local Stability of A Modified Multi-Strain SIR Model for Emerging Viral Strains. *PLoS ONE* 15(2); e0243408. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243408>
- Hardian, M.I., Rusdi, B. (2021). Studi Bioinformatika Mutasi Genetik pada Gen Pengkode Protein Spike dari Virus Sars-Cov-2 di Indonesia. *Bandung Conference Series: Pharmacy*.
- Hartono, Yusuf, Y. (2021). Tinjauan Molekuler dan Epidemiologi Mutasi pada Virus SARS-CoV-2. *Jurnal Bionature*, Volume 22, Nomor 1, April 2021. <https://doi.org/10.35580/bionature.v22i1.22379>
- Khyar, O., Allali, K. Global dynamics of a multi-strain SEIR epidemic model with general incidence rates: application to COVID-19 pandemic. *Nonlinear Dyn* 102, 489–509 (2020). <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05929-4>
- Madhi, S.A., Baillie, V., Cutland, C.L., Voysey, M., Koen, A.L, & Fairlie, L. (2021). Efficacy of the ChAdOx1 nCoV-19 Covid-19 Vaccine against the B.1.351 Variant. *New England Journal of Medicine*. 384 (20), 1885-98. <https://doi.org/10.1056/nejmoa2102214>
- Masri, M., Maretha D. E., Rusny (2021). Everything About Corona. Alauddin University Press. <http://ebooks.uin-alauddin.ac.id/>
- McMahon A., Robb N. C. (2020). Reinfection with SARS-CoV-2: Discrete SIR (Susceptible, Infected, Recovered) Modeling Using Empirical Infection Data. *JMIR Public Health Surveill* 2020;6(4):e21168. <https://doi.org/10.2196/21168>
- Weiss Howie H. (2013). The SIR Model and The Foundations of Public Health. *MATerials MATematics*. <https://www.mat.uab.cat/matmat>
- Wiggins, Stephen. (2003). Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos, Second Edition. Springer: New York, Berlin, Heidelberg, Hong Kong, London, Milan, Paris, Tokyo.
- World Health Organization (WHO) Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard. Diakses 7 Januari 2022. <https://covid19.who.int/>
- Zhu, N., Zhang, D., Wang, W. Li X., Yang, B., Song, J.. (2020). A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *New England Journal of Medicine*. 382 (8), 727-33. <https://doi.org/10.1056/nejmoa2001017>