

Stability Analysis and Numerical Simulation of the COVID-19 SISiR Model

Analisis Kestabilan Dan Simulasi Numerik Model SISiR COVID-19

Berliani Nasran^{1*}, Arrival Rince Putri^{2*}, Budi Rudianto^{3*}

^{*} Universitas Andalas

Email: ¹ berlianinasran0@gmail.com, ² arrival@sci.unand.ac.id, ³ budialbarqy@fmipa.unand.ac.id

Abstract

This research discusses the SISiR model (Susceptible Infected Sick Recovered) considering individual immune parameters and lockdown parameters. The consideration of these parameters aims to determine whether immunity and lockdown have an impact on the spread of COVID-19. The model's stability is analyzed around the equilibrium point to understand the dynamics of COVID-19 spread in a population. Furthermore, the parameter R_0 is determined to indicate whether COVID-19 disappears or remains in the population. From numerical simulations with specific parameter values, it is concluded that COVID-19 continues to spread in the population with an $R_0 =$ of 4.4486. The addition and reduction of immune and lockdown parameters affect the spread of COVID-19.

Keywords: COVID-19, SISiR Model, Lockdown, Stability Analysis

Abstrak

Penelitian ini membahas model SISiR (*Susceptible Infected Sick Recovered*) dengan mempertimbangkan parameter kekebalan tubuh dari individu dan parameter *lockdown*. Pertimbangan parameter ini bertujuan untuk mengetahui apakah kekebalan tubuh dan *lockdown* berpengaruh terhadap penyebaran COVID-19. Model dianalisis kestabilannya di sekitar titik ekuilibrium untuk mengetahui dinamika penyebaran COVID-19 pada suatu populasi. Selanjutnya, ditentukan parameter R_0 yang mengindikasikan apakah COVID-19 menghilang atau masih ada dalam populasi. Dari simulasi numerik dengan nilai parameter tertentu, diperoleh bahwa COVID-19 masih menyebar dalam populasi dengan nilai $R_0 =$ 4,4486. Dengan adanya penambahan dan pengurangan parameter kekebalan tubuh dan *lockdown* berpengaruh terhadap penyebaran COVID-19.

Kata kunci: COVID-19, Model SISiR, *Lockdown*, Analisis Kestabilan.



1. PENDAHULUAN

Corona virus pertama kali ditemukan pada Desember 2019 di Wuhan, Ibukota Provinsi Hubai China yang pada akhirnya menyebar ke seluruh dunia. Virus Corona 2 (SARS-CoV-2) yang disingkat menjadi COVID-19 teridentifikasi pada tanggal 7 Januari 2020 [2]. Pada tanggal 13 Maret 2020 WHO mengumumkan bahwa telah terjadinya pandemi COVID-19. Kasus COVID-19 pertama di luar China terjadi di Thailand pada tanggal 13 Januari 2020. Di Indonesia, kasus COVID-19 pertama kali ditemukan pada tanggal 2 Maret 2020. Jumlah kasus COVID-19 di Indonesia terus meningkat hingga 31.186 kasus terkonfirmasi dan 1851 kasus meninggal dunia, dengan kasus tertinggi di Indonesia terjadi di DKI Jakarta, pada posisi Juni 2020 [6]. Setelah kejadian tersebut pemerintah di Indonesia mengeluarkan banyak kebijakan untuk mencegah penularan virus tersebut, seperti menghimbau masyarakat untuk menjaga jarak, selalu mencuci tangan dan menggunakan masker jika keluar rumah. *Lockdown* adalah salah satu kebijakan pemerintah untuk mengurangi penyebaran virus tersebut. Kebijakan ini melarang masyarakat untuk melakukan kegiatan diluar rumah yang mengumpulkan banyak orang.

Penyebaran penyakit atau virus dapat dimodelkan secara matematika yang biasa dikenal sebagai model epidemi. Model epidemi yang pertama dikenal sebagai model *SIR* (*Susceptible Infected Removed*), dikembangkan oleh W. O. Kermack dan A. G McKendrik [5]. Model tersebut adalah model dinamis yang mengklasifikasikan individu kedalam tiga sub populasi, sub populasi yang rentan terkena penyakit (*susceptible*), sub populasi yang terinfeksi (*infected*) dan sub populasi yang telah sembuh dari penyakit (*recovered*). Berikut adalah model dasar dari penyebaran penyakit, yaitu model SIR.

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \eta I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \eta I(t),\end{aligned}\tag{1.1}$$

dengan nilai awal $S(0) > 0$, $I(0) > 0$ dan $R(0) = 0$, dan nilai $\beta, \eta > 0$, dimana β adalah tingkat penyebaran penyakit dan η adalah tingkat kesembuhan.

Salah satu modifikasi model *SIR* yaitu model *SISiR* (*Susceptible Infected Sick Removed*). Model *SISiR* memuat kompartemen *Si* (*Sick*), mewakili populasi yang menunjukkan gejala. Pada COVID-19 kompartemen *Si* adalah populasi yang telah terinfeksi dan memiliki gejala virus tersebut. Mekanisme penyebaran penyakit berkaitan dengan jumlah kontak fisik antara kelompok terinfeksi dengan kelompok rentan, maka penting untuk memperhatikan kelompok individu tanpa gejala atau tidak dilaporkan. Selain itu, pengaruh kekebalan tubuh yang didapat diantara individu juga perlu diperhatikan, jika kekebalan bersifat permanen, maka pola penyebaran bergantung pada waktu, sebaliknya jika kekebalan bersifat sementara penting untuk memahami interval waktu setelah individu menjadi rentan lagi.

Banyak penelitian yang membahas mengenai penyebaran COVID-19, yaitu tentang dinamika penyebaran penyakit tersebut dalam populasi [8,9,10,11]. Selanjutnya, pada penelitian [7], dibahas tentang penyebaran virus Corona dengan model *SIHR* (*Susceptible Infected Hospital Removed*), dimana adanya kompartemen *H* (*hospital*) yang merupakan sub populasi individu yang terinfeksi dan masuk rumah sakit. Dan pada penelitian [7] juga membandingkan penyebaran penyakit dengan adanya aktifitas PSBB (Pembatasan Sosial Berskala Besar) dengan *new normal*. Dalam [2] dibahas mengenai penyebaran virus dengan model *SISiR* (*Susceptible Infected Removed Sick*), dimana terdapat kompartemen *Si* (*sick*) yang merupakan sub populasi individu yang terinfeksi virus dan memiliki gejala terinfeksi. Pada penelitian [7] individu yang sembuh tidak bisa menjadi rentan terkena virus, sedangkan pada penelitian [2] individu yang sembuh bisa menjadi rentan terkena virus kembali.

Dalam penelitian ini dibahas model *SISiR* yang merujuk pada penelitian [2]. Model *SISiR* yang dibahas dalam [2] adalah model dengan mempertimbangkan adanya *lockdown*. Sementara, model *SISiR* yang dianalisis pada penelitian ini adalah model dengan tidak adanya *lockdown*. Tujuan dari penelitian yaitu menjelaskan kembali model *SISiR* dan menentukan titik kestabilan dari model tersebut. Bilangan reproduksi dasar (*Basic Reproduction Number*) dilambangkan dengan R_0 yang berfungsi untuk melihat tingkatan penyebaran suatu penyakit.

Secara epidemiologi R_0 menyatakan jumlah kasus sekunder yang akan dihasilkan oleh suatu individu terinfeksi dalam suatu populasi yang hanya terdiri dari individu rentan. R_0 disebut juga sebagai parameter untuk menentukan batas antara kepunahan dan penyebaran suatu wabah penyakit [1]. Berdasarkan [4] hubungan R_0 dengan kestabilan titik ekuilibrium yaitu:

1. Jika $R_0 < 1$ maka titik ekuilibrium bebas penyakit adalah stabil asimtotik, sebaliknya titik ekuilibrium endemik tidak stabil. Artinya bahwa penyakit hilang dari populasi.
2. Jika $R_0 > 1$ maka titik ekuilibrium endemik adalah stabil asimtotik, sebaliknya titik ekuilibrium bebas penyakit tidak stabil. Artinya penyakit masih tetap berada dalam populasi.

The next generation matrix merupakan salah satu metode yang dapat menentukan nilai dari R_0 , metode ini hanya melibatkan sub populasi yang terinfeksi. Langkah-langkah dalam menentukan nilai R_0 , yaitu [3]:

1. Didefinisikan $\mathcal{O} = (o_1, o_2, o_3, \dots, o_n)$ merupakan komponen pembentuk matriks A yang menyatakan tingkat kemunculan penyebar baru dari penyakit pada kelas ke- i , $i = 1, 2, \dots, m$ dan \mathcal{O} tidak boleh negatif. Selanjutnya, didefinisikan $\mathcal{P} = (p_1, p_2, p_3, \dots, p_n)$ merupakan komponen pembentuk matriks yang menyatakan transfer keluar atau masuk pada kelas i , $i = 1, 2, 3, \dots, m$. \mathcal{P} bernilai positif untuk transfer keluar dan negatif untuk masuk.
2. Bentuk matriks jacobian O dan P berukuran $m \times m$ dengan menurunkan \mathcal{O} dan \mathcal{P} secara parsial terhadap y_j dengan $j = 1, 2, \dots, m$ yang menunjukkan jumlah individu pada kelas infeksi. Selanjutnya substitusi titik ekuilibrium bebas penyakit E_0 ke matriks A dan B , sehingga matriks

$$O = \left[\frac{\partial \mathcal{O}(E_0)}{\partial y_j} \right] \text{ dan } P = \left[\frac{\partial \mathcal{P}(E_0)}{\partial y_j} \right].$$

3. Didefinisikan the next generation matrix sebagai $G = O_{E_0} P_{E_0}^{-1}$.
4. Bilangan reproduksi dasar (R_0) dapat diperoleh dari

$$R_0 = \rho(G),$$

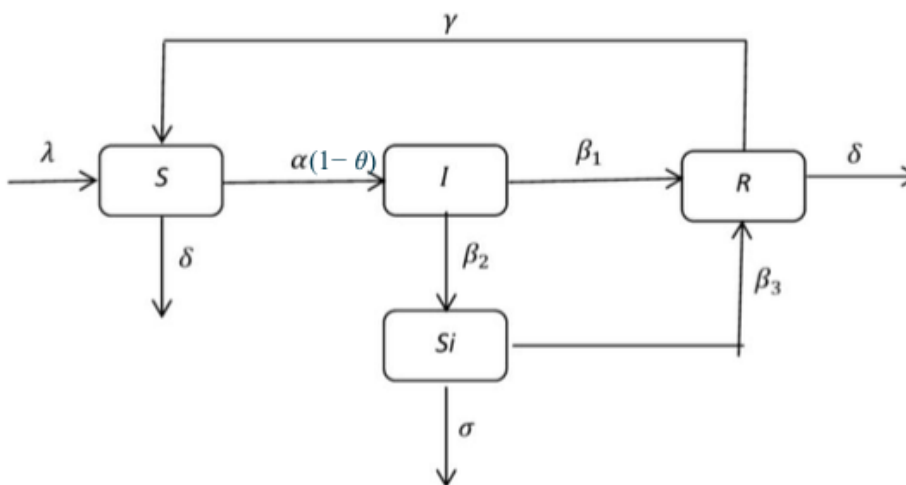
dengan $\rho(G)$, adalah nilai eigen maksimum dari matriks G yang didefinisikan sebagai

$$\rho(G) = \max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|, \dots, |\lambda_n|\}.$$

2. HASIL DAN PEMBAHASAN

2.1 Model *SISiR*

Model *SISiR* merupakan salah satu modifikasi model *SIR* dengan adanya penambahan kompartemen S_i , yang mewakili jumlah individu terinfeksi yang memiliki gejala sakit akibat virus. Diagram dari kompartemen model *SISiR* dapat dilihat pada Gambar 2.1.



Gambar 2.1 Diagram kompartemen SISiR

Berdasarkan Gambar 2.1.1 dapat diperoleh sistem persamaan diferensial yaitu :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \lambda - \alpha(1 - \theta)SI - \delta S + \gamma R, \\
 \frac{dI}{dt} &= \alpha(1 - \theta)SI - (\beta_1 + \beta_2)I, \\
 \frac{dSi}{dt} &= \beta_2 I - (\beta_3 + \sigma)Si, \\
 \frac{dR}{dt} &= \beta_1 I + \beta_3 Si - (\gamma + \delta)R.
 \end{aligned}
 \tag{2.1}$$

Parameter λ , α , θ , β_1 , β_2 , β_3 , γ , σ dan δ secara berturut-turut yaitu laju kelahiran alami, laju sub populasi rentan menjadi terinfeksi, laju efek dari *lockdown*, laju sub populasi infeksi menjadi sembuh, laju sub populasi infeksi menjadi sakit yang memiliki gejala penyakit, laju sub populasi sakit menjadi sembuh, laju sub populasi sembuh menjadi rentan kembali dimana parameter γ ini mengindikasikan kekebalan individu dalam populasi, laju kematian akibat COVID-19, laju kematian alami, konstanta tersebut bernilai positif. Total populasi adalah $N = S + I + Si + R$. Jika Persamaan (2.1) dijumlahkan diperoleh

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dSi}{dt} + \frac{dR}{dt} = \lambda - \delta S - \sigma Si - \delta R$$

dimana total populasi tidak konstan.

Terdapat dua macam titik ekuilibrium pada epidemiologi yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dimana populasi memiliki kondisi jumlah individu terinfeksi adalah nol ($I = 0$) dan titik ekuilibrium endemik dimana jumlah individu terinfeksi tidak sama dengan nol ($I \neq 0$). Analisis kestabilan model yang dibahas berikut ini adalah analisis model (2.1) dengan mengasumsikan $\theta = 0$.

2.2 Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Titik ekuilibrium bebas penyakit merupakan suatu keadaan dimana tidak terjadi penyebaran penyakit atau virus dalam suatu populasi. Akibatnya sub populasi yang terinfeksi $I = 0$. Apabila $I = 0$ maka titik ekuilibrium bebas penyakit yang dinotasikan dengan E_0 dapat ditulis menjadi $E_0 = (S^0, I^0, Si^0, R^0)$, yaitu

$$E_0 = \left(\frac{\lambda}{\delta}, 0, 0, 0\right).
 \tag{2.2}$$

Kestabilan titik ekuilibrium bebas penyakit (E_0), ditentukan dari nilai eigen matriks Jacobian

$$J_{E_0} = \begin{bmatrix} -\delta & \frac{-\alpha\lambda}{\delta} & 0 & \gamma \\ 0 & \frac{\alpha\lambda}{\delta} - (\beta_1 + \beta_2) & 0 & 0 \\ 0 & \beta_2 & -(\beta_2 + \sigma) & 0 \\ 0 & \beta_1 & \beta_3 & -(\gamma + \delta) \end{bmatrix}.$$

Nilai eigen matriks Jacobian (J_{E_0}) dapat diperoleh dengan menyelesaikan persamaan karakteristik $\det(J_{E_0} - \xi I) = 0$. Nilai eigen dari matriks Jacobian J_{E_0} yaitu $\xi_1 = -\delta$, $\xi_2 = \frac{\alpha\lambda}{\delta} - (\beta_1 + \beta_2)$, $\xi_3 = -(\beta_2 + \sigma)$, $\xi_4 = -(\gamma + \delta)$. Dapat diketahui bahwa nilai eigen $\xi_1 < 0$, $\xi_3 < 0$ dan $\xi_4 < 0$. Dari hasil ini dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit E_0 stabil asimtotik jika $\xi_2 < 0$, yaitu

$$\xi_2 < 0 \Leftrightarrow \frac{\alpha\lambda}{\delta} - (\beta_1 + \beta_2) < 0,$$

2.3 Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium Endemik

Titik ekuilibrium endemik merupakan keadaan dimana terjadi infeksi penyakit atau virus di suatu wilayah sehingga $I \neq 0$. Titik ekuilibrium endemik sistem Persamaan (2.1) dapat ditulis sebagai $E_* = (S^*, I^*, Si^*, R^*)$, dimana

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{\beta_1 + \beta_2}{\alpha}, \\ I^* &= \frac{1}{\phi} (\beta_3 + \sigma)(\gamma + \delta)[\alpha\lambda - \delta(\beta_1 + \beta_2)], \\ Si^* &= \frac{1}{\phi} \beta_2(\gamma + \delta)[\alpha\lambda - \delta(\beta_1 + \beta_2)], \\ R^* &= \frac{1}{\phi} (\beta_1\beta_3 + \beta_1\sigma + \beta_2\beta_3)[\alpha\lambda - \delta(\beta_1 + \beta_2)], \end{aligned} \quad (2.3)$$

dengan $\frac{\alpha\lambda}{\delta} > \beta_1 + \beta_2$.

Matriks Jacobian di titik ekuilibrium endemik E_* yaitu:

$$J_{E_*} = \begin{bmatrix} -\delta - \alpha I^* & -\alpha S^* & 0 & \gamma \\ \alpha I^* & \alpha S^* - (\beta_1 + \beta_2) & 0 & 0 \\ 0 & \beta_2 & -(\beta_3 + \sigma) & 0 \\ 0 & \beta_1 & \beta_3 & -(\gamma + \delta) \end{bmatrix},$$

dimana

$$S^* = \frac{\beta_1 + \beta_2}{\alpha}, \quad I^* = \frac{1}{\phi} (\beta_3 + \sigma)(\gamma + \delta)[\alpha\lambda - \delta(\beta_1 + \beta_2)].$$

Nilai eigen matriks Jacobian (J_{E_*}) dapat diperoleh dengan menyelesaikan persamaan karakteristik $\det(J_{E_*} - \xi I) = 0$. Nilai eigen dari matriks Jacobian (J_{E_*}) yaitu

$$\xi^4 + p_1\xi^3 + p_2\xi^2 + p_3\xi + p_4 = 0 \quad (2.4)$$

dimana

$$\begin{aligned} p_1 &= \alpha I^* + \beta_3 + \sigma + 2\delta + \gamma, \\ p_2 &= \alpha I^*[\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \delta + \gamma + \sigma] + 2\delta(\beta_3 + \sigma) + \gamma(\delta + \beta_3 + \sigma) + \delta^2, \\ p_3 &= \alpha I^*[\beta_1\beta_3 + \beta_2\beta_3 + \delta(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3) + \gamma(\beta_2 + \beta_3) + \sigma(\gamma + \delta + \beta_1 + \beta_2)] + \beta_3\delta^2 \\ &\quad + \delta\beta_3\gamma + \sigma\gamma\delta, \\ p_4 &= \alpha I^*(\beta_1\beta_3\delta + \beta_2\beta_3\delta + \beta_1\delta\sigma + \beta_2\delta\sigma + \beta_2\gamma\sigma). \end{aligned}$$

Nilai eigen dari Persamaan (2.4) akan sulit di hitung dengan tepat, karena koefisien dari persamaan tersebut kompleks. Namun alternatif lain untuk menentukan solusi dari model yaitu dengan menganalisis nilai parameter $\gamma = 0$ dan $\gamma > 0$. Nilai $\gamma = 0$ artinya bahwa kekebalan

tubuh setiap individu terhadap penyakit atau virus kuat sehingga individu tidak terinfeksi kembali, dan untuk nilai $\gamma > 0$ artinya kekebalan tubuh terhadap penyakit atau virus lemah sehingga individu menjadi rentan terinfeksi kembali.

a) Nilai eigen untuk $\gamma = 0$

Nilai eigen dari matriks J_{E^*} untuk $\gamma = 0$ dapat diperoleh dengan menyelesaikan persamaan karakteristik $\det(J_{E^*} - \xi I) = 0$, nilai eigen yaitu :

$$\begin{aligned}\xi_1 &= -\delta, \\ \xi_2 &= -(\beta_3 + \sigma) \\ \xi_3 &= \frac{1}{2(\beta_1 + \beta_2)} [-\alpha\lambda + \sqrt{\eta}], \\ \xi_4 &= \frac{1}{2(\beta_1 + \beta_2)} [-\alpha\lambda - \sqrt{\eta}].\end{aligned}$$

dimana $\eta = \alpha^2\lambda^2 - 4\alpha\lambda(\beta_1 + \beta_2)^2 + 4\delta(\beta_1 + \beta_2)^3$. Terlihat bahwa nilai ξ_1 dan ξ_2 adalah riil dan negatif yang menunjukkan stabil asimtotik. Analisis lebih lanjut untuk nilai ξ_3 dan ξ_4 akan stabil asimtotik jika bilangan riil bernilai negatif.

b) Nilai eigen untuk $\gamma > 0$

Nilai eigen untuk $\gamma > 0$ diaproksimasi dari nilai titik ekuilibrium endemik $\gamma \rightarrow \infty$, melalui Persamaan (2.3.1) dapat diperoleh aproksimasinya dengan menggunakan aturan L'Hopital, sehingga diperoleh diperoleh titik ekuilibrium endemik yang baru yaitu :

$$\begin{aligned}S^* &\rightarrow \frac{\beta_1 + \beta_2}{\alpha}, \\ I^* &\rightarrow \frac{\beta_3 + \sigma}{\alpha\beta_2\sigma} [\alpha\lambda - (\beta_1 + \beta_2)\delta], \\ Si^* &\rightarrow \frac{\alpha\lambda - (\beta_1 + \beta_2)}{\alpha\sigma}, \\ R^* &\rightarrow 0,\end{aligned}\tag{2.5}$$

dimana $\frac{\alpha\lambda}{\delta} > \beta_1 + \beta_2$.

Analisis kestabilan untuk $\gamma \rightarrow \infty$ dicari dengan aproksimasi pada Persamaan (2.5), sehingga diperoleh bentuk persamaan polinom berderajat empat yaitu :

$$\xi^4 + p_1\xi^3 + p_2\xi^2 + p_3\xi + p_4 = 0\tag{2.6}$$

dimana

$$\begin{aligned}p_1 &\approx \gamma, \\ p_2 &\approx \gamma(I^*\alpha + \beta_3 + \delta) = \gamma q_2, \\ p_3 &\approx \gamma[I^*\alpha(\beta_2 + \beta_3 + \sigma) + \delta(\beta_3 + \sigma)] = \gamma q_3, \\ p_4 &\approx \gamma I^*\alpha\beta_2\sigma = \gamma q_4.\end{aligned}$$

Persamaan (2.6) dapat ditulis menjadi

$$\xi^4 + \gamma\xi^3 + \gamma q_2\xi^2 + \gamma q_3\xi + \gamma q_4 = 0.\tag{2.7}$$

Asumsikan nilai $\gamma \rightarrow \infty$, sehingga akan diperoleh

$$\xi^4 + \gamma\xi^3 = 0\tag{2.8}$$

maka diperoleh nilai $\xi_1 = -\gamma$ dengan $\gamma \rightarrow \infty$. Akar-akar lainnya dari Persamaan (2.8) dapat diaproksimasi menjadi :

$$\begin{aligned}\xi^4 + \gamma\xi^3 + \gamma q_2\xi^2 + \gamma q_3\xi + \gamma q_4 &= 0, \\ \frac{1}{\gamma}\xi^4 + \xi^3 + q_2\xi^2 + \xi + q_3\xi + q_4 &= 0 \\ \approx \xi^3 + q_2\xi^2 + \xi + q_3\xi + q_4 &= 0\end{aligned}$$

Selanjutnya bilangan reproduksi dasar R_0 dari model diperoleh dengan menggunakan metode the next generations matrix, yaitu

$$R_0 = \frac{\alpha\lambda}{\delta(\beta_1 + \beta_2)}.$$

2.4 Simulasi Numerik

Nilai parameter yang digunakan pada Sistem (2.1) merujuk pada penelitian [2]. Diasumsikan nilai awal dari setiap sub populasi yaitu $S(0) = 0.8348$, $I(0) = 0.1631$, $Si(0) = 0.0014$ dan $R(0) = 0.0007$. Berikut nilai parameter dari Persamaan (2.1).

Tabel 2.1 Nilai Parameter Model

Parameter	Deskripsi	Nilai	Sumber
λ	Laju kelahiran alami	0.3595	Asumsi
δ	Laju kematian alami	0.1822	Asumsi
σ	Laju kematian pada sub populasi sakit	0.2117	Asumsi
β_1	Laju sub populasi terinfeksi menjadi sembuh	0.1181	[2]
β_2	Laju sub populasi terinfeksi menjadi sakit	0.2978	[2]
β_3	Laju sub populasi sakit menjadi sembuh	0.06325	[2]
α	Laju sub populasi rentan menjadi terinfeksi	0.9377	[2]
γ	Laju sub populasi sembuh menjadi rentan	$0 \leq \gamma \leq 0.2$	Asumsi

Nilai dari titik ekuilibrium bebas penyakit yaitu $E_0 = (0.000019731065, 0, 0, 0)$. Selanjutnya kestabilan Sistem (2.1) bebas penyakit bergantung pada nilai-nilai eigen berikut: $\xi_1 = -0.1822$, $\xi_2 = 1.4343$, $\xi_3 = -0.27495$, $\xi_4 = -(\gamma + \delta)$. Karena nilai $\xi_2 > 0$, maka titik ekuilibrium bebas penyakit E_0 tidak stabil.

Titik ekuilibrium endemik terbagi menjadi tiga, yaitu:

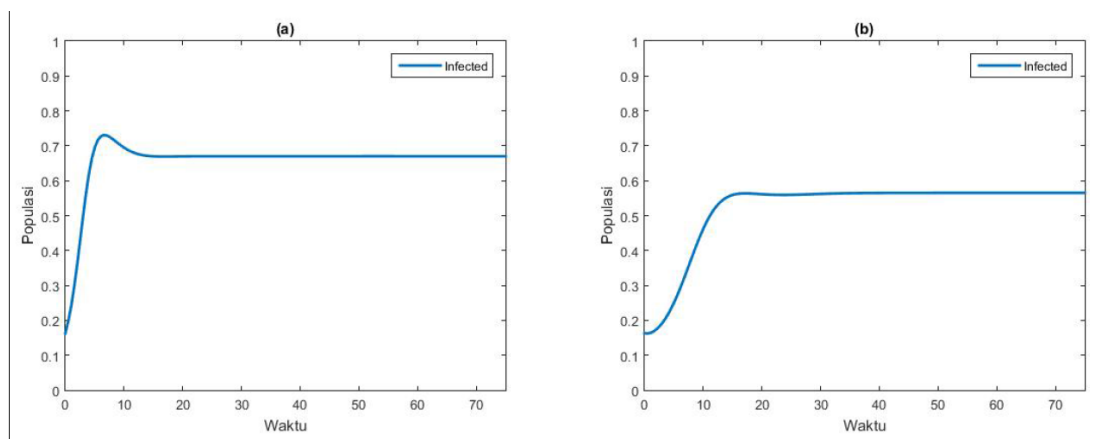
untuk nilai $\gamma = 0$ diperoleh $E_* = [0.4437, 0.6718, 0.7282, 0.6872]$,

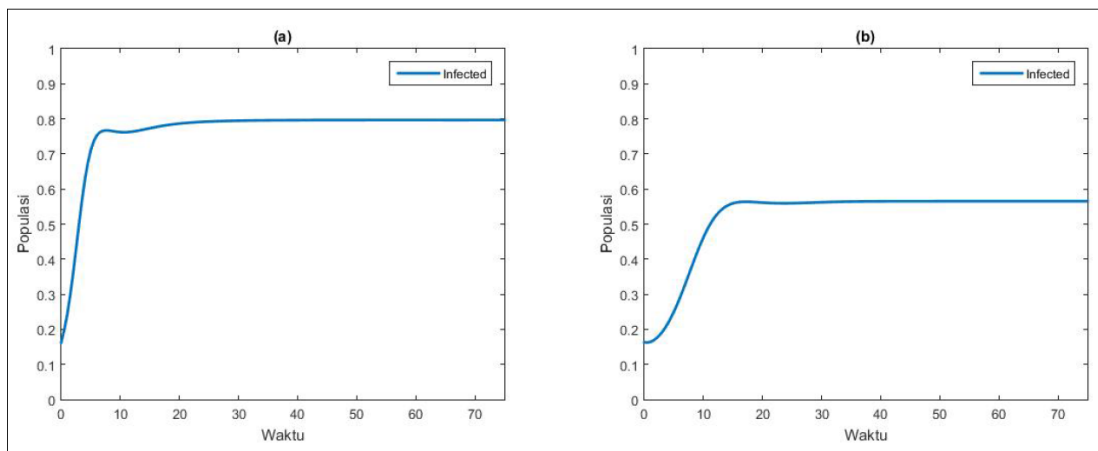
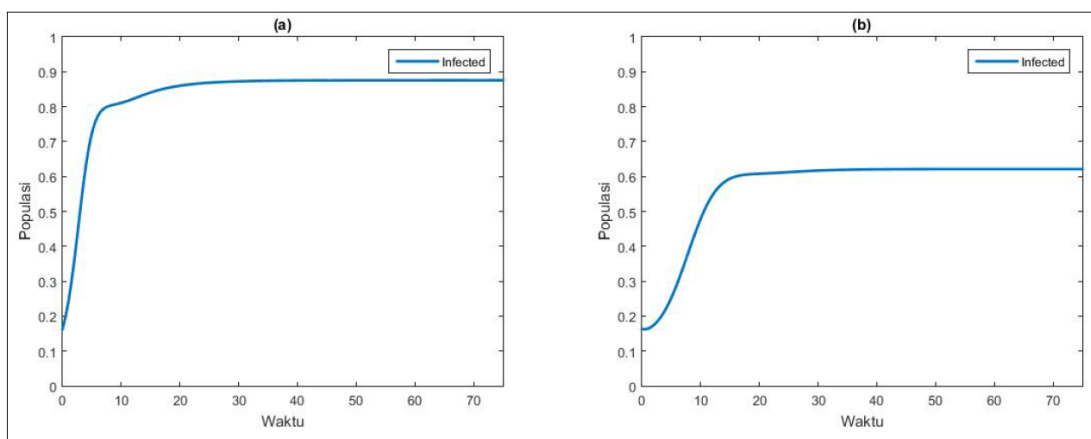
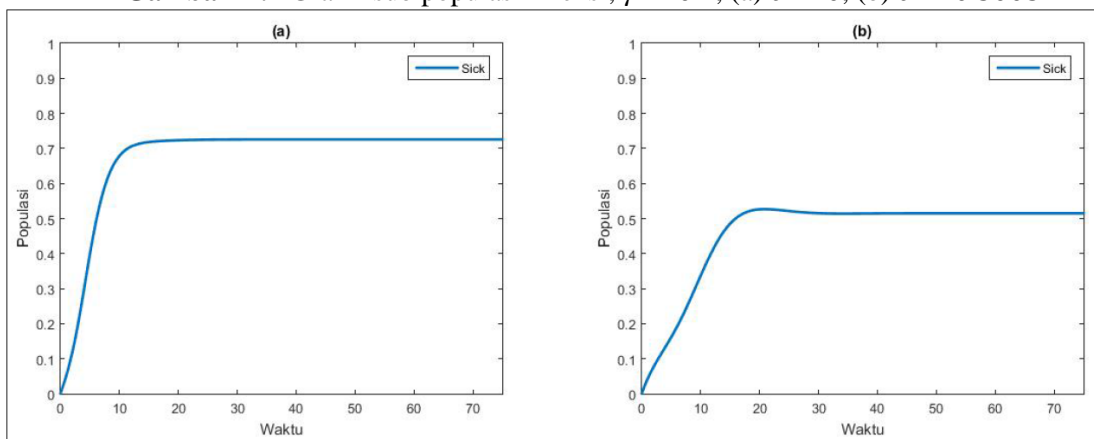
untuk nilai $\gamma = 0.1$ diperoleh $E_* = [0.4437, 0.7992, 0.8661, 0.5276]$,

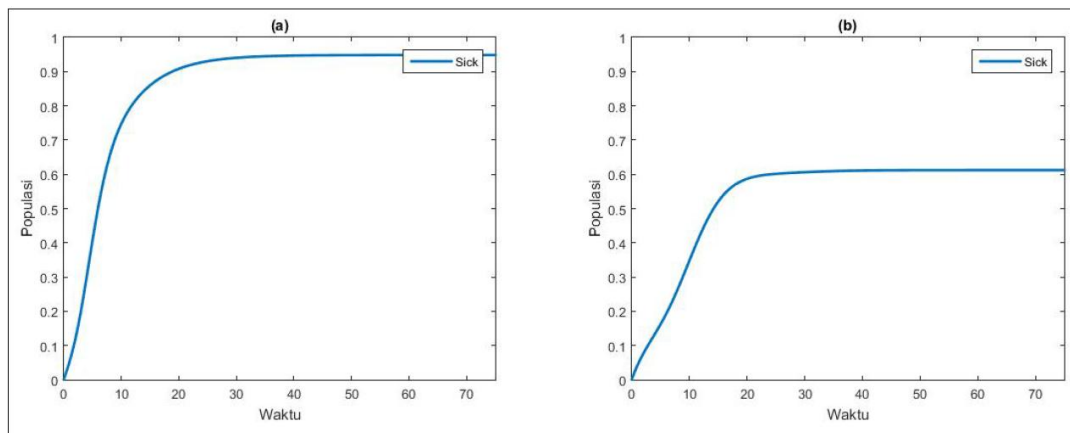
untuk nilai $\gamma = 0.2$ diperoleh $E_* = [0.4437, 0.8758, 0.9459, 0.4268]$.

Kestabilan titik ekuilibrium endemik bergantung pada nilai-nilai eigen berikut: $\xi_1 = 0.1822$, $\xi_2 = -0.27495$, $\xi_3 = -0.048725166 - 1.2022\sqrt{-0.0672}$, dan $\xi_4 = -0.048725166 + 1.2022\sqrt{-0.0672}$. Karena ξ_3 dan ξ_4 merupakan bilangan kompleks dengan bagian riilnya bernilai negatif, maka dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik.

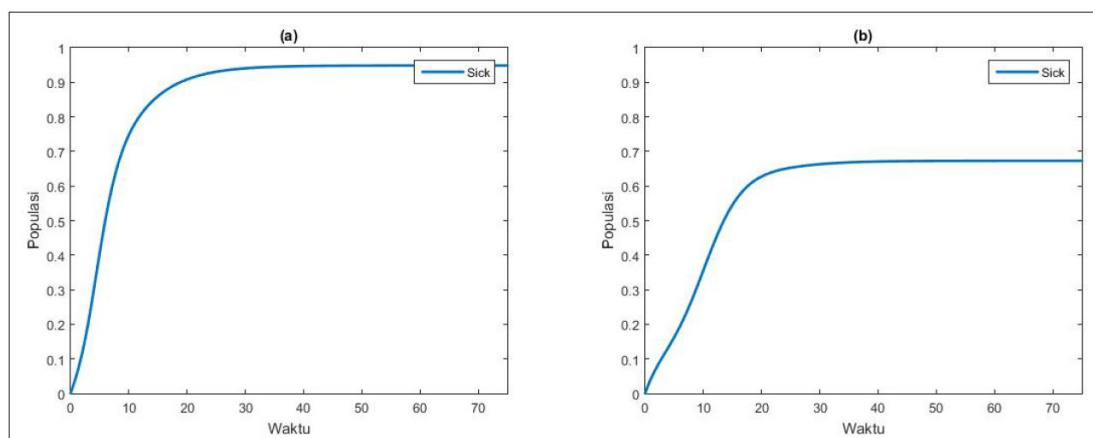
Ada dua simulasi yang dilakukan pada model *SISiR*, yang pertama dilakukan simulasi model dengan adanya parameter *lockdown* θ , dan yang kedua dengan menghilangkan parameter *lockdown* θ . Pengaruh parameter θ berada pada saat jumlah individu rentan menjadi infeksi, dimana nilai parameter θ adalah $\theta = [0, 1)$. Pada simulasi ini nilai parameter $\theta = 0.5005$ [3]. Simulasi yang dilakukan menggunakan aplikasi MATLAB dapat dilihat pada gambar berikut ini.



Gambar 2.2 Grafik sub populasi infeksi, $\gamma = 0$, (a) $\theta = 0$, (b) $\theta = 0.5005$ Gambar 2.3 Grafik sub populasi infeksi, $\gamma = 0.1$, (a) $\theta = 0$, (b) dengan $\theta = 0.5005$ Gambar 2.4 Grafik sub populasi infeksi, $\gamma = 0.2$, (a) $\theta = 0$, (b) $\theta = 0.5005$ Gambar 2.5 Grafik sub populasi sakit, $\gamma = 0$, (a) $\theta = 0$, (b) $\theta = 0.5005$



Gambar 2.6 Grafik sub populasi sakit, $\gamma = 0.1$, (a) $\theta = 0$, (b) $\theta = 0.5005$



Gambar 2.7 Grafik sub populasi sakit, $\gamma = 0.2$, (a) $\theta = 0$, (b) $\theta = 0.5005$

Berdasarkan Gambar diatas diketahui bahwa dengan adanya daya tahan tubuh setiap individu berpengaruh terhadap penyebaran untuk sub populasi infeksi dan sub populasi sakit, dimana semakin besar nilai γ maka semakin meningkat jumlah sub populasi dari infeksi dan sakit. Dari gambar tersebut dengan adanya kebijakan (*lockdown*) akan menghambat peningkatan dari penyebaran virus tersebut, sehingga kebijakan tersebut bisa dikatakan efektif untuk mengurangi penyebaran virus. Selanjutnya, ditentukan nilai R_0 dari nilai parameter yang diasumsikan, yaitu $R_0 = 4.4486$, dimana nilai dari $R_0 > 1$, sehingga dapat disimpulkan bahwa virus COVID-19 masih menyebar atau tetap berada dalam populasi.

3. KESIMPULAN

Analisis model matematika SISiR pada penyebaran COVID-19 menghasilkan dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit, $E_0 = (0.000019731065, 0, 0, 0)$, dan titik ekuilibrium endemik, $E_* = [0.4437, 0.6718, 0.7282, 0.6872]$. Selanjutnya diperoleh nilai $R_0 = 4.4486$ yang menyatakan bahwa COVID-19 masih ada di dalam populasi. Populasi infeksi dan populasi sakit pada penyebaran COVID-19 akan meningkat dan menuju ke titik ekuilibrium endemik. Penambahan parameter kekebalan tubuh setiap individu dan pengurangan parameter *lockdown* akan berpengaruh terhadap penyebaran COVID-19.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Anna, A.S., 2020. Penentuan Rumus Bilangan Reproduksi Dasar pada Model Matematika COVID-19 dari Model SIR yang Dimodifikasi. *EduMatSain*, Vol. 5, No. 2, 203-210.
- [2] Bastistela, C.M., Correa, D.P.F., Bueno, A.M. & Piqueira, J.R.C., 2021. SIRSi Compartmental Model for COVID-19 Pandemic with Immunity Loss. *Chose, Solitons and Fractals Journal*, Vol. 142, No. 110388, 1-12.
- [3] Brauer, F. & Carloz-Chavez, C., 2010. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology* Second Edition, New York : Spinger Vancouver B. C.
- [4] Driessche, P., Van D. & Watmough, J., 2002. Reproduction Numbers and Sub-threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, Vol. 180, No. 1-2, 29-48.
- [5] Giordano, F.R., Fox, W.P. & Horton, S.B., 2013. *A First Course in Mathematical Modeling Fifth Edition*. Cengage Learning, Boston.
- [6] Putri, R.N., 2020. Indonesia Dalam Menghadapi Pandemi COVID-19. *Jurnal Ilmiah Universitas Batanghari Jambi*, Vol. 20, No. 2, 705-709.
- [7] Rifanti, U.M., Dewi, A.R., Nurlaili & Hapsari, S.T., 2021. COVID-19 Mathematical Epidemic Model for Impacy Analysis of Large Scale Social Restriction: The Case Study of Indonesia. *IOP Conf. Series Materials Science and Engineering*, Vol. 1115.
- [8] Mishra, B.K., Keshri, A.K, Rao, Y.S., Mahato, B. & Ayesha S., 2020. COVID-19 Created Chaos Across the Globe: Three Novel Quarantine Epidemic Models. *Chaos Solitons Fractals*, Vol. 138.
- [9] Li, R., Pei, S., Chen, B., Song, Y., Zhang, T., Yang, W. & Shaman J., 2020. Substantial Undocumented Infection Facilitates the Rapid Dissemination of Novel Coronavirus (SARS-CoV2), *Science*, Vol. 368, No. 6490, 489-93.
- [10] Jajarmi, A., Yusuf, A., Baleanu, D. & Inc, M.A., 2020. New Fractional HRSV Model and its Optimal Control: a Non-Singular Operator Approach. *Physica A*, Vol. 547.
- [11] Godio, A., Pace, F. & Vergnano, A., 2020. SEIR Modeling of the Italian Epidemic of SARS-CoV-2 Using Computational Swarm Intelligence. *Int Environ Res Public Health*, Vol. 17.