

**ANALISIS DINAMIK
PENYEBARAN PENYAKIT COVID-19 DENGAN VAKSINASI**

Okti Nur Azizah

Jurusan Matematika, Universitas Jenderal Soedirman

Rina Reorita

Jurusan Matematika, Universitas Jenderal Soedirman

Niken Larasati*

Jurusan Matematika, Universitas Jenderal Soedirman
niken.larasati@unsoed.ac.id

ABSTRACT. *COVID-19 is an infectious disease caused by a new type of coronavirus, namely Severe Acute Respiratory Syndrome 2 (SARS-CoV2). One attempt to suppress the spread of COVID-19 is by vaccination. The study aims to provide information relating to the dynamics of the spread of COVID-19 disease based on mathematical models that consider the presence of vaccination conditions. The model used in this study is the SVIR model. This model divides the population into four subpopulations: vulnerable subpopulations, vaccine subpopulations, infection subpopulations, and healed subpopulations. The completion of the SVIR model is done qualitatively, namely by analyzing the stability of the system equilibrium point. The COVID-19 model with vaccination produces two equilibrium points, namely disease-free equilibrium point and asymptotic endemic equilibrium point when qualified. The results of the study showed that vaccination is effective in controlling the spread of COVID-19 disease with vulnerable individuals vaccinated at least 30% of the total individual population is vulnerable. The greater the rate of vulnerable people who vaccinate that results in disease will quickly disappear from the population. Sensitivity analysis shows that the transmission rate and vulnerable individual vaccination rates are two parameters that affect the basic reproductive numbers. As transmission rates increase, the basic reproductive number increases. Meanwhile, if the vulnerable individual vaccination rate increases, the basic reproductive amount will decrease. So, it is necessary to control the spread of COVID-19 disease with vaccination.*

Keywords : *SVIR model, COVID-19 disease, vaccination, and equilibrium point.*

ABSTRAK. COVID-19 adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus corona jenis baru, yaitu *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV2)*. Salah satu upaya untuk menekan penyebaran COVID-19 adalah dengan vaksinasi. Penelitian ini

bertujuan untuk memberikan informasi terkait dinamika penyebaran penyakit COVID-19 berdasarkan model matematika yang mempertimbangkan adanya kondisi vaksinasi. Model yang digunakan pada penelitian ini adalah model SVIR. Model ini membagi populasi menjadi empat subpopulasi yaitu subpopulasi rentan, subpopulasi vaksin, subpopulasi infeksi, dan subpopulasi sembuh. Penyelesaian model SVIR dilakukan secara kualitatif, yaitu dengan menganalisis kestabilan titik ekuilibrium sistem. Model COVID-19 dengan vaksinasi menghasilkan dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik yang stabil asimtotis apabila memenuhi syarat tertentu. Hasil penelitian menunjukkan bahwa vaksinasi efektif dalam mengendalikan penyebaran penyakit COVID-19 dengan tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi minimal sebesar 30% dari total populasi individu rentan. Semakin besar tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi mengakibatkan penyakit akan cepat menghilang dari populasi. Analisis sensitivitas menunjukkan bahwa tingkat penularan dan tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi merupakan dua parameter yang paling berpengaruh terhadap bilangan reproduksi dasar. Apabila tingkat penularan bertambah, maka bilangan reproduksi dasar akan naik. Sementara itu, apabila tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi bertambah, maka bilangan reproduksi dasar akan menurun. Dengan demikian, perlu dilakukan upaya pengendalian penyebaran penyakit COVID-19 dengan cara vaksinasi.

Kata Kunci: model SVIR, penyakit COVID-19, vaksinasi, dan titik ekuilibrium.

1. PENDAHULUAN

Virus corona adalah sekumpulan virus yang menyebabkan penyakit pada hewan dan manusia (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2020). Pada manusia, virus ini menyebabkan penyakit infeksi saluran pernafasan dari yang ringan hingga berat. Salah satu virus corona jenis baru yang ditemukan pada manusia yaitu *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2* (SARS-CoV2). Penyakit yang disebabkan infeksi virus jenis ini disebut *Coronavirus Disease 2019* atau disingkat COVID-19. Infeksi COVID-19 pertama kali ditemukan pada akhir Desember 2019 di Wuhan, Cina. Penularan penyakit ini sangat cepat menyebar ke wilayah lain di Cina dan sebagian besar negara di dunia, termasuk Indonesia. Hal ini disebabkan terjadinya kontak langsung antara individu rentan dengan individu terinfeksi sehingga menimbulkan wabah penyakit pada suatu populasi. Pada tanggal 30 Januari 2020, WHO menetapkan kejadian tersebut sebagai Kedaruratan Kesehatan Masyarakat yang Meresahkan Dunia (KKMMD). Kemudian pada tanggal 11 Maret 2020, *World Health Organization* (WHO) resmi menetapkan COVID-19 sebagai pandemi global (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2020).

Fenomena penyebaran penyakit COVID-19 dapat dipelajari lebih dalam dengan pemodelan matematika. Model matematika adalah suatu alat yang dapat berperan dalam mempelajari dinamika dan pola penyebaran penyakit menular. Model klasik tentang penyebaran penyakit telah dirumuskan dengan model SIR (*Susceptible, Infected, Recovered*). Pada model SIR, populasi total dibagi menjadi 3 subpopulasi, yaitu *Susceptible* yang menyatakan jumlah individu sehat tetapi rentan terinfeksi penyakit, *Infected* yang menyatakan jumlah individu yang terinfeksi dan dapat menularkan penyakit, dan *Recovered* yang menyatakan subpopulasi yang sembuh. Selain itu, pada model SIR juga dapat ditambahkan subpopulasi baru yaitu *Vaccinated* sebagai salah satu upaya untuk menekan penyebaran penyakit. Dengan demikian, model SIR dapat dimodifikasi menjadi model SVIR.

Berdasarkan hasil studi literatur, penelitian tentang model penyebaran penyakit COVID-19 telah banyak dilakukan, diantaranya adalah Sari dan Arfi (2020) yang melakukan penelitian pemodelan penyebaran penyakit COVID-19 menggunakan model SIR. Kemudian, Izzani dan Helma (2020) yang melakukan penelitian model penyebaran penyakit COVID-19 dengan model SIR yang dikembangkan dengan menambah asumsi individu yang telah sembuh dari penyakit COVID-19 masih bisa terinfeksi kembali. Selanjutnya, penelitian Nuha, dkk. (2021) yang membahas tentang pengaruh vaksinasi terhadap penularan penyakit COVID-19 menggunakan model SVIR.

Dalam penelitian ini, akan dibentuk model matematika penyebaran penyakit COVID-19 dengan pemberian vaksinasi. Model yang digunakan adalah model SVIR seperti penelitian Nuha dkk. (2021) yang dikembangkan dengan menambah asumsi individu yang sembuh tidak kebal terhadap penyakit COVID-19. Selain itu, tingkat penyusutan vaksin dihilangkan dan mengganti tingkat efektivitas vaksin menjadi tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi. Dari model tersebut akan dicari titik ekuilibrium, bilangan reproduksi dasar dan analisis kestabilan. Kemudian, solusi dari model SVIR disimulasikan menggunakan *software* Maple 13 untuk mengetahui dinamika penyebaran

penyakit COVID-19 dengan pengaruh vaksinasi. Kemudian, dilakukan analisis sensitivitas untuk melihat parameter-parameter yang berpengaruh secara signifikan terhadap bilangan reproduksi dasar.

2. METODE PENELITIAN

Metode penelitian yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi pustaka dengan cara mengumpulkan materi dari berbagai sumber seperti buku, jurnal, dan skripsi yang berkaitan. Penelitian ini dilakukan dengan mengkaji teorema-teorema sistem dinamik dari literatur yang diperoleh, kemudian diterapkan pada masalah penyebaran penyakit. Adapun langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut: 1). Menentukan asumsi-asumsi yang sesuai untuk model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi; 2). Mengidentifikasi variabel dan parameter pada model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi; 3). Menurunkan model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi; 4). Mencari titik ekuilibrium model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi; 5). Mencari bilangan reproduksi dasar penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi; 6). Menganalisis titik ekuilibrium model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi; 7). Melakukan simulasi model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Model Penyebaran Penyakit COVID-19 dengan Vaksinasi

Model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi dikonstruksi menggunakan asumsi-asumsi sebagai berikut: 1). Populasi diasumsikan tertutup, artinya perpindahan penduduk seperti imigrasi atau emigrasi diabaikan; 2). Total populasi diasumsikan konstan; 3). Setiap kelahiran individu baru akan menjadi individu rentan; 4). Hanya terdapat penyakit COVID-19 pada populasi; 5). Populasi diasumsikan homogen, artinya setiap individu memiliki peluang yang sama untuk tertular penyakit; 6). Individu yang telah melakukan vaksinasi belum

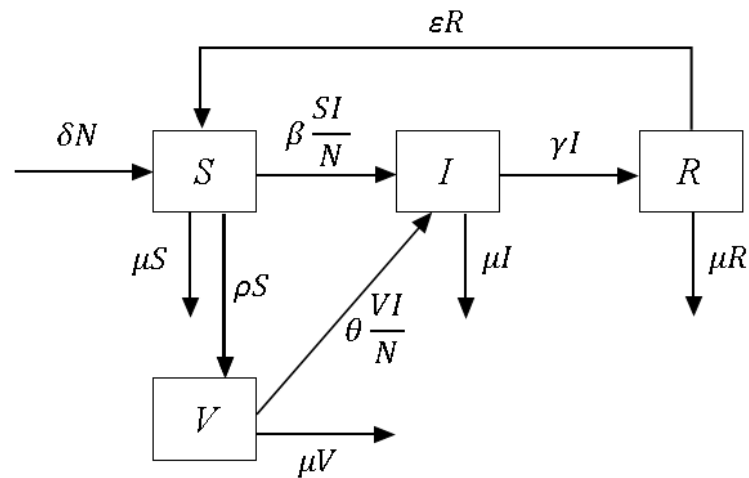
sepenuhnya kebal terhadap penyakit COVID-19; 7). Individu yang telah sembuh dapat menjadi individu rentan kembali; 8). Tingkat kematian antara individu rentan, individu terinfeksi, dan individu sembuh dianggap sama.

Variabel dan parameter yang digunakan dalam model penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi disajikan dalam Tabel 1.

Tabel 1. Daftar variabel dan parameter

Simbol	Definisi	Jenis	Satuan	Syarat
N	Total individu dalam populasi	Variabel	Jiwa	$N \geq 0$
S	Jumlah individu rentan dalam populasi	Variabel	Jiwa	$S \geq 0$
V	Jumlah individu yang telah melakukan vaksinasi	Variabel	Jiwa	$V \geq 0$
I	Jumlah individu terinfeksi dalam populasi	Variabel	Jiwa	$I \geq 0$
R	Jumlah individu sembuh dalam populasi	Variabel	Jiwa	$R \geq 0$
δ	Tingkat kelahiran	Parameter	Per hari	$0 < \delta < 1$
β	Tingkat penularan	Parameter	Per hari	$0 < \beta < 1$
ρ	Tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi	Parameter	Per hari	$0 < \rho < 1$
θ	Tingkat penularan pada individu yang divaksinasi	Parameter	Per hari	$0 < \theta < 1$
γ	Tingkat kesembuhan	Parameter	Per hari	$0 < \gamma < 1$
ε	Tingkat individu sembuh menjadi individu rentan kembali	Parameter	Per hari	$0 < \varepsilon < 1$
μ	Tingkat kematian	Parameter	Per hari	$0 < \mu < 1$

Secara skematis proses penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi dapat disajikan dalam diagram kompartemen pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram kompartemen penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi

Berdasarkan diagram kompartemen pada Gambar 1, dapat dirumuskan model SVIR dalam persamaan diferensial berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \delta N + \varepsilon R - \frac{\beta SI}{N} - \rho S - \mu S \\
 \frac{dV}{dt} &= \rho S - \theta \frac{VI}{N} - \mu V \\
 \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} + \theta \frac{VI}{N} - \gamma I - \mu I \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \varepsilon R - \mu R,
 \end{aligned}
 \tag{1}$$

dengan nilai $N = S + V + I + R$. Sistem (1) dapat dibentuk dalam sistem nondimensional sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{ds}{dt} &= \delta + \varepsilon r - \beta si - \rho s - \mu s \\
 \frac{dv}{dt} &= \rho s - \theta vi - \mu v \\
 \frac{di}{dt} &= \beta si + \theta vi - \gamma i - \mu i \\
 \frac{dr}{dt} &= \gamma i - \varepsilon r - \mu r.
 \end{aligned}
 \tag{2}$$

3.2 Titik Ekuilibrium

Titik ekuilibrium sistem (2) dapat diselesaikan dengan metode *nullclines* yaitu mengasumsikan ruas kanan dari sistem (2) sama dengan nol. Penyelesaian tersebut menghasilkan dua titik ekuilibrium yaitu, titik ekuilibrium bebas penyakit $TE_0(s^*, v^*, i^*, r^*) = \left(\frac{\delta}{(\rho+\mu)}, \frac{\delta\rho}{\mu(\rho+\mu)}, 0, 0\right)$ dan titik ekuilibrium endemik $TE_1 = (s^*, v^*, i^*, r^*)$, dengan

$$s^* = \frac{\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)}$$

$$v^* = \frac{\rho(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)}$$

$$i^* = \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$$

$$r^* = \frac{\gamma i^*}{\varepsilon + \mu}.$$

3.3 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) dapat ditentukan dengan mencari nilai eigen maksimum yang diperoleh dari matriks *next generation*. Berdasarkan sistem (2) diperoleh matriks \mathbf{F} dan \mathbf{V} sebagai berikut:

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} \frac{\delta(\mu\beta + \theta\rho)}{\mu(\rho + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } \mathbf{V} = \begin{bmatrix} \gamma + \mu & 0 \\ \beta s & \beta i + \rho + \mu \end{bmatrix}.$$

Dengan demikian, diperoleh bilangan reproduksi dasar yang merupakan nilai eigen terbesar dari matriks *next generation* (\mathbf{FV}^{-1}), yaitu

$$R_0 = \frac{\delta(\mu\beta + \theta\rho)}{\mu(\rho + \mu)(\gamma + \mu)}. \tag{3}$$

3.4 Analisis Perilaku Model di sekitar Titik Ekuilibrium

Matriks Jacobian hasil linierisasi sistem (2) di sekitar titik ekuilibrium bebas penyakit adalah

$$\mathbf{J}_{(TE_0)} = \begin{bmatrix} -(\rho + \mu) & 0 & -\frac{\beta\delta}{\rho + \mu} & \varepsilon \\ \rho & -\mu & -\frac{\theta\rho\delta}{\mu(\rho + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\delta\mu\beta + \delta\theta\rho - \mu(\rho + \mu)(\gamma + \mu)}{\mu(\rho + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -(\varepsilon + \mu) \end{bmatrix}$$

Persamaan karakteristik dari matriks $\mathbf{J}_{(TE_0)}$ adalah

$$|\mathbf{J}_{(TE_0)} - \lambda\mathbf{I}| = 0$$

atau

$$\begin{aligned} & (-\mu - \lambda)(-\rho + \mu) - \lambda \left(\frac{\delta\mu\beta + \delta\theta\rho - \mu(\rho + \mu)(\gamma + \mu)}{\mu(\rho + \mu)} - \lambda \right) (-\varepsilon + \mu) - \lambda \\ & = 0. \end{aligned}$$

sehingga diperoleh nilai eigen sebagai berikut.

$$\lambda_1 = -\mu,$$

$$\lambda_2 = -(\rho + \mu),$$

$$\lambda_3 = \frac{\delta(\mu\beta + \theta\rho) - \mu(\rho + \mu)(\gamma + \mu)}{\mu(\rho + \mu)},$$

$$\lambda_4 = -(\varepsilon + \mu).$$

Dari hasil persamaan karakteristik dapat diperoleh nilai eigen dari $\lambda_1 < 0$, $\lambda_2 < 0$, dan $\lambda_4 < 0$ karena nilai parameter $\mu, \rho, \varepsilon > 0$. Sementara itu, λ_3 akan bernilai negatif jika $R_0 < 1$. Dengan demikian, titik ekuilibrium bebas penyakit dari sistem (2) akan stabil asimtotik jika $R_0 < 1$.

Matriks Jacobian di sekitar titik ekuilibrium endemik adalah

$$\mathbf{J}_{(TE_1)} = \begin{bmatrix} -\beta i^* - \rho - \mu & 0 & -\frac{\beta(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)} & \varepsilon \\ \rho & -\theta i^* - \mu & -\frac{\theta\rho(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)} & 0 \\ \beta i^* & \theta i^* & \frac{(\beta(\theta i^* + \mu) + \theta\rho)(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)} - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & 0 & -\gamma & -\varepsilon - \mu \end{bmatrix}.$$

Berdasarkan matriks $\mathbf{J}_{(TE_1)}$, diperoleh persamaan karakteristik sebagai berikut

$$a_0\lambda^4 + a_1\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_3\lambda + a_4 = 0 \quad (4)$$

dengan

$$a_0 = 1$$

$$a_1 = \varepsilon + i^*(\theta + \beta) + \rho + \gamma + 4\mu - \frac{(\beta(\theta i^* + \mu) + \theta\rho)(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)}$$

$$a_2 = (\varepsilon + \mu)(i^*(\theta + \beta) + \rho + 2\mu) - \left(\frac{(\beta(\theta i^* + \mu) + \theta\rho)(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)} - (\gamma + \mu) \right) (\varepsilon + \rho + i^*(\theta + \beta) + 3\mu) + (\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu) + \frac{i^*(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)} \left(\beta^2 + \frac{\theta^2 \rho}{\theta i^* + \mu} \right)$$

$$a_3 = \frac{\beta i^*(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)} (\beta(\varepsilon + \theta i^* + 2\mu) + \rho\theta) + \frac{\theta\rho(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)} (\theta i^*(\varepsilon + \beta i^* + \rho + 2\mu)) + \varepsilon\beta i^*\gamma + (\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu) - \left(\frac{(\beta(\theta i^* + \mu) + \theta\rho)(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)} - (\gamma + \mu) \right) ((\beta i^* + \rho + \mu)(\varepsilon + \theta i^* + 2\mu) + (\varepsilon + \mu)(\theta i^* + \mu))$$

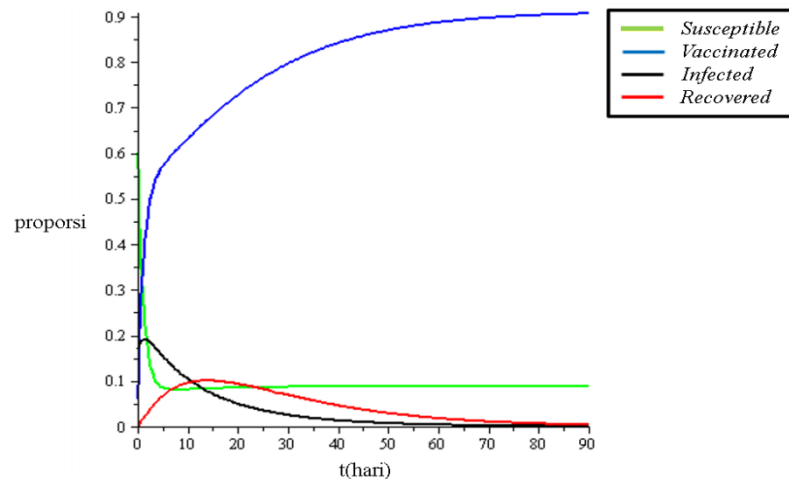
$$a_4 = (\theta i^* + \mu)\varepsilon\beta i^*\gamma + \varepsilon\rho\theta i^*\gamma - (\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu) \left(\frac{(\beta(\theta i^* + \mu) + \theta\rho)(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)(\theta i^* + \mu)} - (\gamma + \mu) \right) + \frac{\beta(\delta(\varepsilon + \mu) + \varepsilon\gamma i^*)}{(\varepsilon + \mu)(\beta i^* + \rho + \mu)} (\varepsilon + \mu)(\rho\theta i^* + \beta i^*(\theta i^* + \mu)).$$

Jika $a_i > 0$ dengan $i = 1,2,4$ dan $a_2 a_3 > a_1 a_4$, maka sistem stabil asimtotis di sekitar titik ekuilibrium endemik. Sementara itu, apabila $a_i < 0$ dengan $i = 1,2,4$ dan $a_2 a_3 < a_1 a_4$ maka sistem tidak stabil.

3.5 Simulasi Model

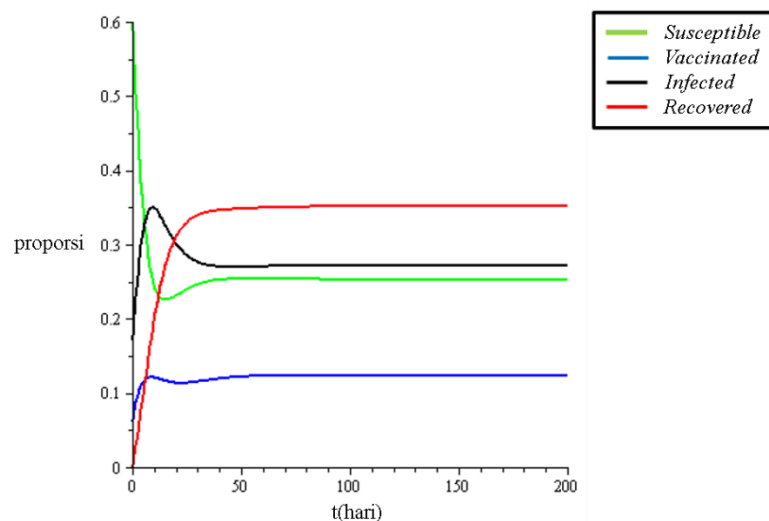
Nilai parameter yang digunakan dalam simulasi model adalah $\delta = 0,0682$; $\beta = 0,6$; $\rho = 0,75$; $\mu = 0,0682$; $\theta = 0,05$; $\gamma = 0,09$; dan $\varepsilon = 0,0012$. Nilai awal variable adalah $s(0) = 0,6$; $v(0) = 0,06$; $i(0) = 0,17$; dan $r(0) = 0$.

Hasil simulasi dinamika penyebaran penyakit COVID-19 menuju bebas penyakit disajikan dalam Gambar 2.



Gambar 2. Dinamika penyebaran penyakit COVID-19 menuju bebas penyakit

Apabila nilai parameter ρ diubah menjadi $\rho = 0,05$ maka diperoleh hasil simulasi dinamika penyebaran penyakit COVID-19 menuju endemik yang disajikan dalam Gambar 3.



Gambar 3. Grafik dinamika penyebaran penyakit COVID-19 menuju endemik

3.6 Analisis Sensitivitas

Pada bagian ini akan dianalisis sensitivitas parameter tingkat penularan penyakit (β), tingkat individu rentan yang telah melakukan vaksinasi (ρ), dan tingkat penularan individu tervaksin (θ) terhadap bilangan reproduksi dasar (R_0).

Indeks sensitivitas parameter tersebut terhadap bilangan reproduksi dasar (R_0) disajikan pada Tabel 2. sebagai berikut,

Tabel 2. Indeks sensitivitas R_0 terhadap parameter

Parameter (p)	Nilai Parameter	Indeks Sensitivitas	$R_0 = 2,322019504$	
			$p + 5\%p$	$p - 5\%p$
β	0,6	+0,94242	2,431435716	2,212603293
ρ	0,05	-0,36543	2,280470957	2,365363582
θ	0,05	+0,05758	2,328704268	2,315334741

Berdasarkan Tabel 2, diketahui bahwa parameter yang paling berpengaruh terhadap bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah parameter β atau tingkat penularan dan parameter ρ atau tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi. Indeks sensitivitas parameter β terhadap R_0 bernilai positif, artinya apabila nilai parameter β bertambah maka nilai R_0 akan naik, sebaliknya apabila nilai parameter β berkurang maka nilai R_0 akan turun. Sementara itu, indeks sensitivitas parameter ρ terhadap R_0 bernilai negatif, artinya apabila nilai parameter ρ bertambah maka nilai R_0 akan turun, sebaliknya apabila nilai parameter ρ berkurang maka nilai R_0 akan naik.

4. KESIMPULAN DAN SARAN

Model penyebaran penyakit COVID-19 yang digunakan pada penelitian ini adalah model SVIR. Model COVID-19 dengan vaksinasi menghasilkan dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Titik equilibrium bebas penyakit bersifat stabil asimtotis apabila $R_0 < 1$. Titik equilibrium endemik bersifat stabil asimtotis apabila $a_2 a_3 < a_1 a_4$, serta tidak stabil apabila $a_2 a_3 > a_1 a_4$. Hasil penelitian menunjukkan bahwa vaksinasi efektif dalam mengendalikan penyebaran penyakit COVID-19 dengan tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi minimal sebesar 30% dari total populasi individu rentan. Semakin besar tingkat individu rentan yang melakukan vaksinasi mengakibatkan penyakit akan cepat menghilang dari populasi. Analisis sensitivitas menunjukkan bahwa parameter β dan parameter ρ merupakan dua

parameter yang paling berpengaruh terhadap R_0 . Apabila parameter β bertambah, maka R_0 akan naik. Sementara itu, apabila parameter ρ bertambah, maka R_0 akan menurun. Dengan demikian, perlu dilakukan upaya pengendalian penyebaran penyakit COVID-19 dengan cara vaksinasi.

UCAPAN TERIMAKASIH

Terimakasih kepada semua pihak yang telah memberikan kontribusi pada penelitian dan penulisan naskah artikel ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Izzani, M. dan Helma, A., *Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit Covid-19 dengan Model SIRS*, UNPjoMath, **4**(2) (2020), 34-40.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, *Pertanyaan dan Jawaban Terkait COVID-19*, Kemkes, Jakarta, 2020.
- Ma, Z. dan Li, J., *Dynamical Modelling and Analysis of Epidemics*, World Scientific Publishing, Singapura, 2009.
- Nuha, A.R., Achmad, N., dan Supu, N.A., *Analisis Model Matematika Penyebaran COVID-19 dengan Intervensi Vaksinasi dan Pengobatan*, Jurnal Matematika UNAND, **10**(3) (2021), 406-422.
- Sari, S.P., dan Arfi, E., *Analisis Dinamik Model SIR pada Kasus Penyebaran Penyakit Corona Virus Disease-19 (COVID-19)*, Indonesian Journal of Applied Mathematics, **1**(2) (2020), 61-68.