



## Analisis Sensitivitas Model SEIRV pada Penyebaran Penyakit Covid-19 di Indonesia

(Sensitivity Analysis of the SEIRV Model on the Spread of Covid-19 Disease in Indonesia)

Nabila Nabila<sup>1\*</sup>, Paian Sianturi<sup>2</sup>, Fahren Bukhari<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Departemen Matematika, Fakultas MIPA, Institut Pertanian Bogor – Jl. Raya Dramaga, Babakan, Kec. Dramaga, Kabupaten Bogor, Jawa Barat, Indonesia 16680

\* email penulis korespondensi: [abilaak96nabila@apps.ipb.ac.id](mailto:abilaak96nabila@apps.ipb.ac.id)

### Abstrak

Model SEIRV dibentuk dengan melihat pada perlakuan terhadap orang yang terinfeksi di Indonesia dengan pembagian subpopulasi terinfeksi menjadi tiga: subpopulasi terinfeksi dirawat di rumah sakit, terinfeksi tidak teridentifikasi, dan terinfeksi isolasi mandiri. Model ini dianalisis sifat kestabilan titik tetapnya dan menganalisis parameter mana yang paling peka terhadap perubahan simulasi model. Model ini memiliki titik tetap tanpa penyakit yang stabil asimtotik lokal pada kondisi bilangan reproduksi dasar kurang dari satu dan titik tetap endemik stabil asimtotik lokal pada kondisi bilangan reproduksi dasar lebih dari satu. Hasil analisis sensitivitas menunjukkan ada tiga parameter yang memiliki pengaruh besar terhadap model: laju transmisi penyakit dari subpopulasi rentan menjadi terekspos, laju kesembuhan subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi, dan laju vaksinasi. Hal yang dapat dilakukan ketika menginginkan kondisi dimana tidak ada lagi wabah Covid-19 adalah menekan laju penyebaran Covid-19, meningkatkan laju kesembuhan subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi, dan meningkatkan laju pemberian vaksinasi terhadap populasi.

**Kata kunci:** Covid-19; SEIRV; Vaksinasi; Analisis Sensitivitas

### Abstract

SEIRV model was formed by looking at the treatment of infected people in Indonesia by dividing the infected subpopulation into three: the infected subpopulation being treated in a hospital, unidentified infected, and infected self-isolation. This model will then be analyzed for the stability of its fixed points and analyze which parameters are most sensitive to changes in the model simulation. This model has a locally asymptotically stable no-disease fixed point at the condition of the reproduction number less than one and a locally asymptotically stable endemic fixed point at the condition the reproduction number more than one. The results of the sensitivity analysis showed that there were three parameters that had a major influence on the model: the rate of disease transmission from susceptible to exposed subpopulations, the recovery rate of unidentified infected subpopulations, and the rate of vaccination. Things that can be done when you want conditions where there are no more Covid-19 outbreaks need to reduce the rate of spread of Covid-19, increase the recovery rate for unidentified infected subpopulations, and increase the rate of vaccination of the population.

**Keywords:** Covid-19; SEIRV; Vaccination; Sensitivity Analysis

**Cara mengutip dengan APA 6 style:** Nabila, N., Sianturi, P., & Bukhari, F. (2023). Analisis Sensitivitas Model SEIRV pada Penyebaran Penyakit Covid-19 di Indonesia. *JMPM: Jurnal Matematika dan Pendidikan Matematika*, 9(2), 34-45. <https://dx.doi.org/10.26594/jmpm.v9i2.3438>.

## PENDAHULUAN

Virus corona merupakan virus yang menginfeksi saluran pernapasan sehingga mengakibatkan berbagai macam penyakit dari yang ringan hingga berat, salah satunya adalah penyakit covid-19 (Susilo dkk., 2020). Kasus covid-19 pertama kali di Indonesia dilaporkan pada tanggal 2 Maret 2020. Sedangkan pada akhir bulan Maret 2020 tercatat kasus positif terkonfirmasi sebanyak 1528 kasus dan pada bulan Mei 2020 melonjak naik hingga mencapai 26.473 (Yuliana, 2020). Kecepatan penularan covid-19 menyebar dan menjangkau seluruh daerah menjadi masalah penting yang harus ditanggulangi di tahun 2020 (Sugiyanto & Abrori, 2020). Pemerintah mengeluarkan beberapa kebijakan untuk menghambat perluasan penyebaran penyakit ini. Naik turunnya kasus positif covid-19 di Indonesia tentunya merupakan dampak dari kebijakan yang diterapkan pemerintah tersebut, salah satunya adalah vaksinasi. Di awal tahun 2021, pemerintah Indonesia telah mengimpor serta mendistribusikan vaksin ke beberapa wilayah di Indonesia.

Pemodelan matematika digunakan sebagai salah satu upaya mengendalikan penyebaran penyakit dengan memetakan pola penyebaran penyakit ini dan dikaji dengan matematis. Model dasar dalam penyakit yang dikenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada mulanya adalah model berbentuk SIR dimana terdapat subpopulasi rentan, terinfeksi dan sembuh. Namun, seiring berkembangnya asumsi kemudian berkembanglah model-model untuk penyakit menjadi model SEIR, SIAR, SIS, IA, dan sebagainya (Okabe, 2020). Pemodelan matematika untuk covid-19 yang dikembangkan oleh beberapa peneliti dengan mempertimbangkan beberapa asumsi. Sasmita mengembangkan model covid-19 menggunakan model SEIR dengan membagi dua subpopulasi terinfeksi yaitu yang bergejala dan tidak bergejala (Sasmita dkk., 2020). Sementara Ivorra memetakan penyebaran covid-19 di China menggunakan model SEIR dengan pembagian subpopulasi menjadi tiga bagian sebelum ditemukannya vaksin untuk penyakit ini (Ivorra dkk., 2020). Selanjutnya model SEIR untuk pemetaan covid-19 dikembangkan dengan mempertimbangkan adanya vaksinasi seperti yang dilakukan oleh Wachira dan Diagne (Wachira dkk., 2022) (Diagne dkk., 2021). Yavuz mengembangkan model SEIRV untuk memetakan covid-19 dimana vaksinasi kemudian dijadikan sebuah subpopulasi baru (Yavuz dkk., 2021). Bo Yang juga menjadikan vaksinasi menjadi sebuah subpopulasi baru dimana model yang digunakan untuk covid-19 adalah model dalam bentuk SVAIR (Yang dkk., 2022). Sementara itu, SEIRV merupakan model yang digunakan Mubashara untuk melihat bagaimana pengaruh dari laju pemberian vaksinasi terhadap pola penyebaran penyakit (Wali dkk., 2022).

Dilihat dari bagaimana pemerintah Indonesia memberikan perlakuan terhadap subpopulasi terinfeksi, hal ini mirip dengan model yang dikembangkan oleh Ivorra dimana pada model Ivorra subpopulasi terinfeksi dibagi berdasarkan seberapa berat gejala yang didapatkan. Sementara itu model Mubashara merupakan model dengan subpopulasi vaksinasi diletakkan di akhir pada susunan rangkaian model SEIR. Pemilihan model Mubashara sendiri disesuaikan dengan susunan penyebutan dimana subpopulasi diletakkan di akhir. Berdasarkan hal tersebut, maka pada tulisan ini akan memodifikasi model dari Mubashara berbentuk SEIRV dengan membagi subpopulasi terinfeksi menjadi tiga kelompok, yaitu subpopulasi terinfeksi dirawat di rumah sakit, terinfeksi tidak teridentifikasi, dan terinfeksi melakukan isolasi mandiri. Menggunakan model ini, akan terlihat bagaimana bentuk dari pengaruh parameter terhadap pergerakan grafik dari masing-masing subpopulasi terinfeksi. Berdasarkan hal ini pula dapat dilihat apakah perlakuan yang dilakukan pemerintah sudah tepat dan apa yang dapat dilakukan selanjutnya pada masing-masing subpopulasi terinfeksi. Model ini kemudian akan dianalisis bagaimana sifat kestabilan titik tetapnya dan menganalisis parameter mana yang paling peka terhadap model yang digunakan. Menggunakan model SEIRV, maka kita dapat menganalisis bagaimana pola penyebaran covid-19 di Indonesia. Menggunakan SEIRV juga dapat mengetahui parameter manakah yang paling mempengaruhi pola penyebaran

tersebut setelah adanya vaksinasi, dengan pembagian subpopulasi terinfeksi menjadi tiga kelompok menggunakan data di Indonesia.

## METODE PENELITIAN

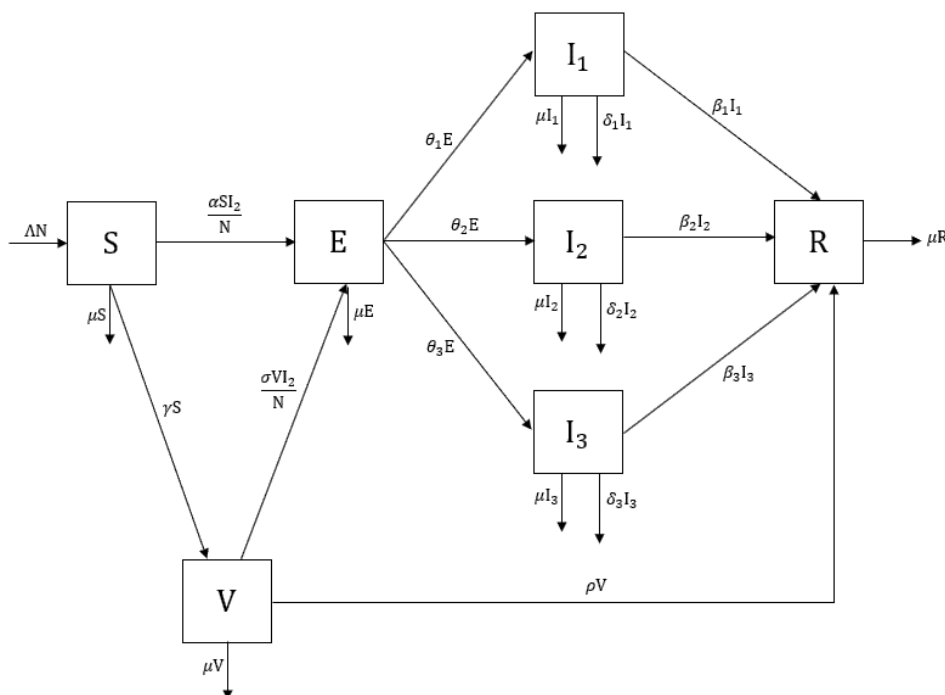
Penelitian ini akan memodifikasi model deterministik dari covid-19 dimana pada tulisan ini menggunakan model SEIRV dengan pembagian subpopulasi terinfeksi menjadi 3 kelompok, kemudian akan ditentukan titik tetap penyakit dan endemiknya beserta bilangan reproduksi dasar dari model. Selanjutnya akan dianalisis mengenai sifat kestabilan dari masing-masing titik tetap. Simulasi numerik dilakukan dengan menggunakan data covid-19 di Indonesia dan menganalisis sensitivitas dari setiap parameter yang digunakan dalam model modifikasi untuk melihat parameter manakah yang paling mempengaruhi dinamika populasi. Data yang digunakan adalah data sekunder yang diperoleh dari data Kementerian Kesehatan, dan beberapa parameter yang sudah digunakan pada penelitian-penelitian sebelumnya.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Model SEIRV

Model yang digunakan untuk dimodifikasi adalah model SEIRV yang digunakan oleh Mubashara (Wali, dkk., 2022) untuk memetakan pola penyebaran covid-19 dimana S merupakan subpopulasi rentan, E merupakan subpopulasi terekspos, I merupakan subpopulasi terinfeksi, R merupakan subpopulasi sembuh, dan V merupakan subpopulasi divaksinasi covid-19. Subpopulasi terinfeksi pada penelitian ini akan dibagi tiga seperti model yang digunakan oleh Ivorra (Ivorra dkk., 2020) dengan pembagian subpopulasi terinfeksi disesuaikan, yaitu subpopulasi terinfeksi dirawat di rumah sakit disimbolkan  $I_1$ , subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi disimbolkan  $I_2$ , dan subpopulasi terinfeksi melakukan isolasi mandiri disimbolkan  $I_3$ .

Subpopulasi rentan yang mengalami kontak dengan subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi akan menjadi subpopulasi terekspos, sementara yang mendapatkan vaksinasi akan masuk ke subpopulasi tervaksinasi. Subpopulasi tervaksinasi yang mengalami kontak selama masa pembentukan imun juga akan masuk kedalam subpopulasi terekspos. Setelah masa inkubasi virus, subpopulasi terekspos terbagi menjadi 3 kelompok. Jika mengalami gejala berat dan dirawat di rumah sakit maka akan masuk kedalam subpopulasi terinfeksi dirawat di rumah sakit, jika gejala ringan sehingga mendapatkan pengobatan dan isolasi mandiri masuk kedalam subpopulasi terinfeksi melakukan isolasi mandiri, sedangkan jika tidak mengalami gejala atau bergejala namun tidak melaporkan maka akan termasuk dalam subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi. Subpopulasi terinfeksi dirawat di rumah sakit dan melakukan isolasi mandiri dianggap tidak dapat menularkan penyakit pada subpopulasi rentan karena tergolong pada orang-orang yang terkarantina. Kesembuhan dari masing-masing subpopulasi terinfeksi akan masuk pada subpopulasi sembuh. Subpopulasi tervaksinasi yang sudah mendapatkan imun, juga akan menjadi subpopulasi sembuh.



Gambar 1. Diagram Model SEIRV

Tabel 1. Keterangan Simbol pada Diagram model SEIRV

Simbol	Keterangan	Simbol	Keterangan
$\alpha$	Laju subpopulasi R menjadi E	$\Lambda$	Laju kelahiran subpopulasi R
$\theta_1$	Laju subpopulasi E menjadi I <sub>1</sub>	$\rho$	Evektivitas vaksin
$\theta_2$	Laju subpopulasi E menjadi I <sub>2</sub>	$\sigma$	Laju subpopulasi V menjadi E
$\theta_3$	Laju subpopulasi E menjadi I <sub>3</sub>	$\gamma$	Laju vaksinasi
$\beta_1$	Laju kesembuhan subpopulasi I <sub>1</sub>	$\delta_1$	Laju kematian disebabkan oleh covid-19 subpopulasi I <sub>1</sub>
$\beta_2$	Laju kesembuhan subpopulasi I <sub>2</sub>	$\delta_2$	Laju kematian disebabkan oleh covid-19 subpopulasi I <sub>2</sub>
$\beta_3$	Laju kesembuhan subpopulasi I <sub>3</sub>	$\delta_3$	Laju kematian disebabkan oleh covid-19 subpopulasi I <sub>3</sub>
		$\mu$	Laju kematian alami

Berdasarkan skema tersebut, maka model SEIRV yang digunakan pada penelitian ini akan memperoleh sistem persamaan diferensial dimana:

$$S = \frac{S}{N}, E = \frac{E}{N}, I_1 = \frac{I_1}{N}, I_2 = \frac{I_2}{N}, I_3 = \frac{I_3}{N}, R = \frac{R}{N}, V = \frac{V}{N}$$

maka diperoleh:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \Lambda - \alpha S I_2 - \gamma S - \mu S \\ \frac{dE}{dt} &= \alpha S I_2 + \sigma V I_2 - (\theta_1 + \theta_2 + \theta_3) E - \mu E \\ \frac{dI_1}{dt} &= \theta_1 E - \delta_1 I_1 - \mu I_1 - \beta_1 I_1 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \theta_2 E - \delta_2 I_2 - \mu I_2 - \beta_2 I_2 \\ \frac{dI_3}{dt} &= \theta_3 E - \delta_3 I_3 - \mu I_3 - \beta_3 I_3 \\ \frac{dR}{dt} &= \rho V + \beta_1 I_1 + \beta_2 I_2 + \beta_3 I_3 - \mu R \\ \frac{dV}{dt} &= \gamma S - \sigma V I_2 - \rho V - \mu V \end{aligned} \tag{1}$$

### Titik Tetap Penyakit

Titik tetap pada penelitian ini diperoleh setelah melakukan pelinearan pada sistem persamaan (1). Titik tetap tanpa penyakit ( $T^0$ ) adalah kondisi dimana tidak terdapat penyakit pada populasi, artinya titik tetap tanpa penyakit akan diperoleh jika sistem persamaan (1) nilai  $E^0 = I_1^0 = I_2^0 = I_3^0$  sama dengan 0. Menggunakan ketentuan tersebut, maka diperoleh titik tetap tanpa penyakit sebagai berikut:

$$\begin{aligned} S^0 &= \frac{\Lambda}{\gamma + \mu} \\ R^0 &= \frac{\gamma \Lambda \rho}{\mu(\gamma + \mu)(\mu + \rho)} \\ V^0 &= \frac{\gamma \Lambda}{(\gamma + \mu)(\mu + \rho)}. \end{aligned} \quad (2)$$

Titik tetap endemik ( $T^*$ ) merupakan kondisi dimana terdapat individu yang terinfeksi penyakit dari suatu populasi. Sistem persamaan (1) memberikan titik tetap penyakit sebagai berikut:

$$S^* = \frac{\Lambda}{I_2^* \alpha + \gamma + \mu} \quad (3)$$

$$E^* = \frac{I_2^* S^* \alpha + I_2^* V^* \sigma}{\theta_1 + \theta_2 + \theta_3 + \mu} \quad (4)$$

$$I_1^* = \frac{E^* \theta_1}{\beta_1 + \delta_1 + \mu} \quad (5)$$

$$I_2^* = \frac{E^* \theta_2}{\beta_2 + \delta_2 + \mu} \quad (6)$$

$$I_3^* = \frac{E^* \theta_3}{\beta_3 + \delta_3 + \mu} \quad (7)$$

$$R^* = \frac{I_1^* \beta_1 + I_2^* \beta_2 + I_3^* \beta_3 + V \rho}{\mu} \quad (8)$$

$$V^* = \frac{S^* \gamma}{\mu + \rho + I_2^* \sigma} \quad (9)$$

### Analisis Kestabilan Titik Tetap

Kriteria kestabilan untuk titik tetap tanpa penyakit  $T^0$  akan dilihat dengan menggunakan bilangan reproduksi dasar sesuai dengan teorema kestabilan titik tetap. Penentuan bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) adalah dengan menggunakan *the next generation matrix* (Driessche & Watmough, 2002). Dari sistem persamaan diferensial (1) diambil subpopulasi pembawa infeksi saja, sehingga diperoleh nilai:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\theta_2 \Lambda (\alpha (\mu + \rho) + \gamma \sigma)}{(\theta_1 + \theta_2 + \theta_3 + \mu) (\gamma + \mu) (\beta_2 + \delta_2 + \mu) (\mu + \rho)} \quad (10)$$

**Teorema 1:** Titik tetap tanpa penyakit pada persamaan (2) bersifat stabil asimtotik lokal jika dan hanya jika  $\mathcal{R}_0 < 1$  dan tidak stabil jika  $\mathcal{R}_0 > 1$ .

Pembuktian Teorema 1 terlebih dahulu dilakukan pelinearan pada titik tetap  $T^0$  yang akan menghasilkan matriks Jacobi  $JT^0$ . Kemudian untuk mendapatkan nilai eigen dari  $JT^0$  diperoleh dengan cara  $|JT^0 - \lambda I| = 0$ , sehingga diperoleh persamaan berikut:

$$(J_{11} - \lambda)(J_{33} - \lambda)(J_{55} - \lambda)(J_{66} - \lambda)(J_{77} - \lambda)(\lambda^2 + a_1 \lambda + a_2) = 0 \quad (11)$$

dengan  $a_1 = k_1 + k_3$  dan  $a_2 = k_1 k_3 (1 - \mathcal{R}_0)$ .

Berdasarkan pada persamaan (11) maka diperoleh tujuh nilai eigen dimana  $\lambda_1 = -\gamma - \mu$ ;  $\lambda_2 = -\beta_1 - \delta_1 - \mu$ ;  $\lambda_3 = -\beta_3 - \delta_3 - \mu$ ;  $\lambda_4 = -\mu$ ;  $\lambda_5 = -\mu - \rho$ , dan untuk

memperoleh dua nilai eigen lainnya akan digunakan persamaan karakteristik:

$$(\lambda^2 + a_1\lambda + a_2) = 0 \quad (12)$$

Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz Edelstein-Keshet (Edelstein-Keshet, 2005), titik tetap  $T^0$  akan stabil jika dan hanya jika memenuhi syarat-syarat kestabilan  $a_1 > 0$  dan  $a_2 > 0$ . Nilai  $a_1$  bernilai positif, dan untuk nilai  $a_2$  positif dengan syarat  $\mathcal{R}_0 < 1$ , maka diperoleh:

$$(k_1 k_3) \left( 1 - \frac{\theta_2 \Lambda (\alpha (\mu + \rho) + \gamma \sigma)}{(\theta_1 + \theta_2 + \theta_3) (\gamma + \mu) (\beta_2 + \delta_2 + \mu) (\mu + \rho)} \right) > 0 \quad (13)$$

Berdasarkan pertidaksamaan (13) dengan kondisi  $\mathcal{R}_0 < 1$  maka  $a_2 > 0$ . Sedangkan berdasarkan sifat persamaan kuadrat, nilai dari  $\lambda_6 + \lambda_7$  harus negatif karena  $a_1 > 0$ . Maka,  $\lambda_6 < 0$  dan  $\lambda_7 < 0$  memenuhi. Dapat disimpulkan bahwa semua nilai eigen bernilai negatif dan  $\mathcal{R}_0 < 1$ , maka titik tetap tanpa penyakit  $T^0$  bersifat asimtotik lokal. Sedangkan untuk kondisi  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka nilai  $a_2 < 0$  dengan  $\lambda_6, \lambda_7$  berbeda tanda. Akibatnya, ada nilai eigen yang bernilai positif sehingga titik tetap tanpa penyakit  $T^0$  tidak stabil.  $\square$

**Teorema 2.** Jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka titik tetap endemik bersifat stabil asimtotik lokal dan tidak stabil ketika  $\mathcal{R}_0 < 1$ .

Pembuktian menggunakan Teorema Castillo-Chaves dan Song [14]. Titik tetap  $T^0$  mempunyai satu nilai eigen nol dan enam nilai eigen negatif jika  $\mathcal{R}_0 = 1$  atau  $\varphi = \varphi^*$ . Nilai eigen nol tersebut memiliki vektor eigen kanan  $(u_1, u_2, u_3, u_4, u_5, u_6, u_7)$  dan vektor eigen kiri  $(v_1, v_2, v_3, v_4, v_5, v_6, v_7)$ . Meninjau pada teorema [14]

$$a = \sum_{k,i,j=1}^n v_k u_i u_j \frac{\partial^2 f_k}{\partial x_i \partial x_j} (T^0, 0) \text{ dan } b = \sum_{k,i,j=1}^n v_k u_i \frac{\partial^2 f_k}{\partial x_i \partial \varphi} (T^0, 0). \quad (14)$$

sehingga diperoleh nilai  $a = v_2 u_4 (u_1 \varphi + u_7 \sigma) < 0$  dan  $b = v_2 u_4 \frac{\Lambda}{\gamma + \mu} > 0$ .

Nilai  $a$  dan  $b$  yang diperoleh berdasarkan Teorema Castillo-Chaves dan Song [14] memenuhi kriteria salah satu kasus pada Teorema Castillo-Chaves, dimana pada kasus ini nilai  $a < 0, b > 0$ , dan  $\varphi$  berubah dari negatif ke positif, maka  $T^0$  berubah kestabilannya dari stabil menjadi tidak stabil, sedangkan titik tetap  $T^*$  berubah dari tidak stabil menjadi stabil. Jadi terbukti bahwa jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka titik tetap endemik  $T^*$  akan bersifat asimtotik lokal.  $\square$

### Analisis Sensitivitas

Perubahan dari nilai parameter akan mengakibatkan perubahan pada hasil simulasi dengan besar yang berbeda. Oleh karena itu, diperlukan analisis sensitivitas tiap parameter untuk melihat parameter paling peka terhadap model. Berikut adalah parameter beserta nilainya masing-masing yang akan digunakan untuk menganalisis penyebaran covid-19 di Indonesia.

**Tabel 2. Nilai Parameter**

Simbol	Nilai	Sumber
$\alpha$	0,3	(Ndondo dkk., 2021)
$\theta_1$	0,13	(Tang dkk., 2019)
$\theta_2$	0,3	(Adewole dkk., 2021)
$\theta_3$	0,0017	<i>Data fitted</i>
$\beta_1$	[0,075 – 0,137]	(Ivorra dkk. 2020)
$\beta_2$	[0,075 – 0,137]	(Ivorra dkk., 2020)
$\beta_3$	0,906	(Nuha & Achmad, 2021)
$\Lambda$	0,0188	(Nuh dkk., 2021)
$\rho$	0,653	(WHO 2021)
$\sigma$	0,293	<i>Data fitted</i>
$\gamma$	0,4	(Shakhany & Salimifard 2021)
$\delta_1$	$2,11 \times 10^{-4}$	<i>Data fitted</i>
$\delta_2$	$6,66 \times 10^{-6}$	<i>Data fitted</i>
$\delta_3$	$3,81 \times 10^{-6}$	<i>Data fitted</i>
$\mu$	0,00712	(Annas dkk., 2020)

Nilai awal yang akan digunakan untuk simulasi numerik yang dilakukan dengan perhitungan proporsi pada masing-masing subpopulasi kasus covid-19 di Indonesia, sehingga diperoleh nilai awal  $S(0) = 0,8782$ ;  $E(0) = 0,0005$ ;  $I_1(0) = 0,0048$ ;  $I_2(0) = 0,0005$ ;  $I_3(0) = 0,0003$ ;  $R(0) = 0,0068$ ; dan  $V(0) = 0,1076$ . Data kasus di Indonesia yang digunakan merupakan data yang diperoleh dari data kementerian kesehatan, kemudian diolah dengan rumus  $\frac{\text{subpopulasi}}{\text{total kasus} \times 365}$ . Setelah diperoleh seluruh parameter, kemudian analisis sensitivitas dihitung dengan (Chitnis, dkk., 2008)

$$Y_v^{\mathcal{R}_0} = \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial v} \times \frac{v}{\mathcal{R}_0} \tag{15}$$

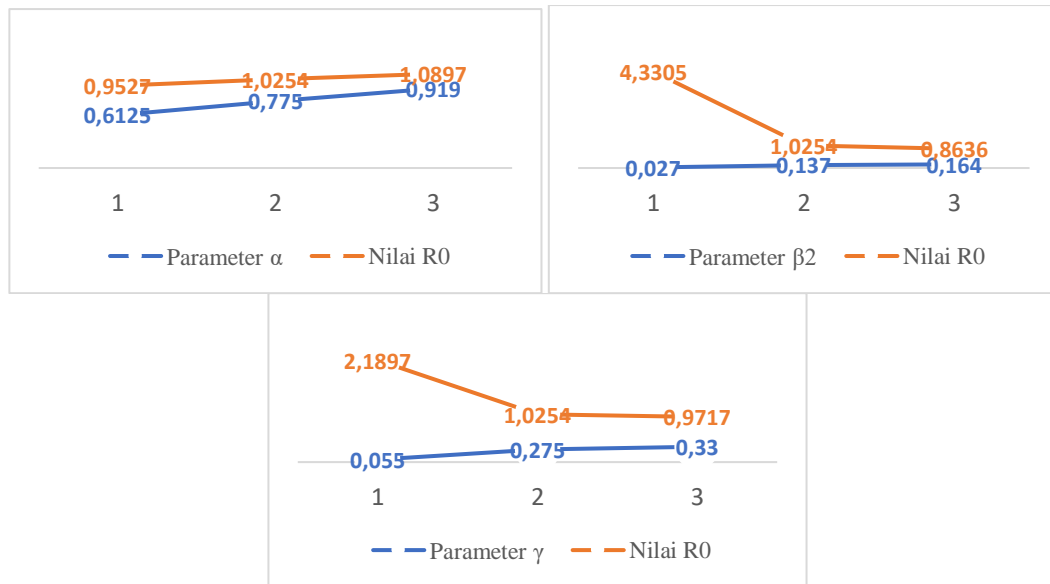
Hasil perhitungan memberikan nilai-nilai sensitivitas yang dapat dilihat pada tabel berikut:

**Tabel 3. Indeks Sensitivitas Parameter**

Parameter	Indeks Sensitivitas	Parameter	Indeks Sensitivitas	Parameter	Indeks Sensitivitas
$\Lambda$	1	$\rho$	-0,367775	$\delta_2$	-0,00005
$\beta_2$	-0,950553	$\theta_2$	0,316348	$\beta_1$	0
$\gamma$	-0,61072	$\theta_1$	-0,296249	$\beta_3$	0
$\alpha$	0,628215	$\mu$	-0,08713	$\delta_1$	0
$\sigma$	0,371785	$\theta_3$	-0,003874	$\delta_3$	0

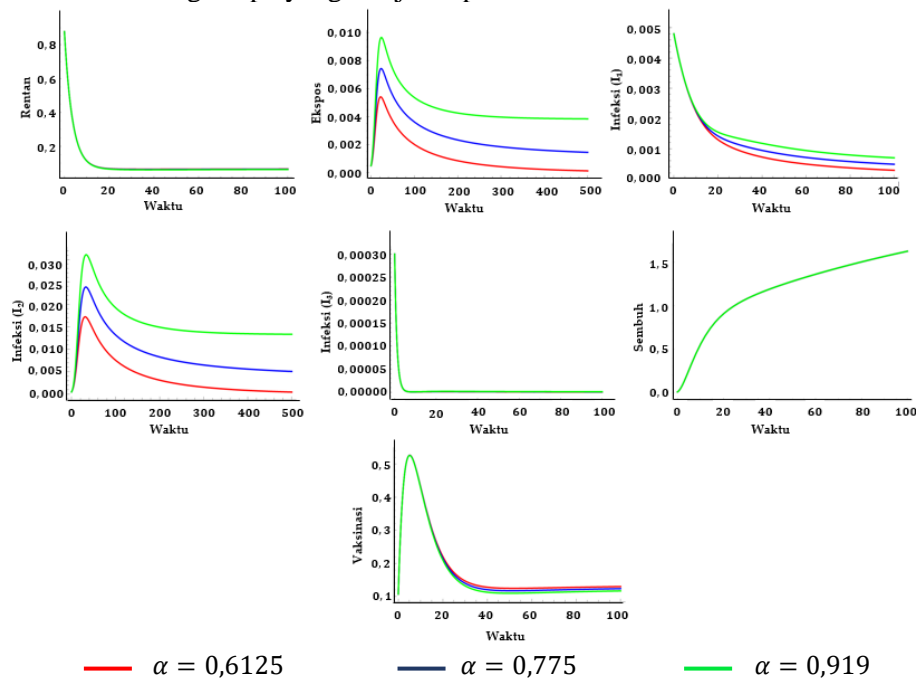
Terdapat tiga parameter yang pengaruh besar terhadap perubahan nilai  $\mathcal{R}_0$  yaitu  $\alpha, \beta_2$ , dan  $\gamma$  dimana  $\alpha$  merupakan tingkat interaksi subpopulasi rentan menjadi subpopulasi terekspos,  $\beta_2$  merupakan laju subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi menjadi subpopulasi sembuh, dan  $\gamma$  merupakan laju subpopulasi tervaksinasi. Pengaruh dari masing-masing variabel tersebut terhadap dinamika populasi dapat dianalisis dengan melihat nilai  $\mathcal{R}_0$  yang dihasilkan. Hasil perubahan dari masing-masing nilai variabel dapat dilihat pada Gambar 2 berikut:





**Gambar 2. Pengaruh Perubahan Nilai Variabel terhadap Nilai  $R_0$**

Berdasarkan Gambar 2, diketahui ketika nilai interaksi subpopulasi terinfeksi menjadi subpopulasi terekspos  $\alpha$  ditingkatkan, maka nilai  $R_0 > 1$ . Namun, kondisi sebaliknya terjadi ketika nilai kesembuhan subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi  $\beta_2$  dan laju subpopulasi tervaksinasi  $\gamma$  ditingkatkan, maka nilai  $R_0 < 1$ . Hasil simulasi dari masing-masing variabel dapat dilihat pada Gambar 3 hingga Gambar 5, dimana grafik yang dihasilkan sesuai dengan apa yang disajikan pada Gambar 2.



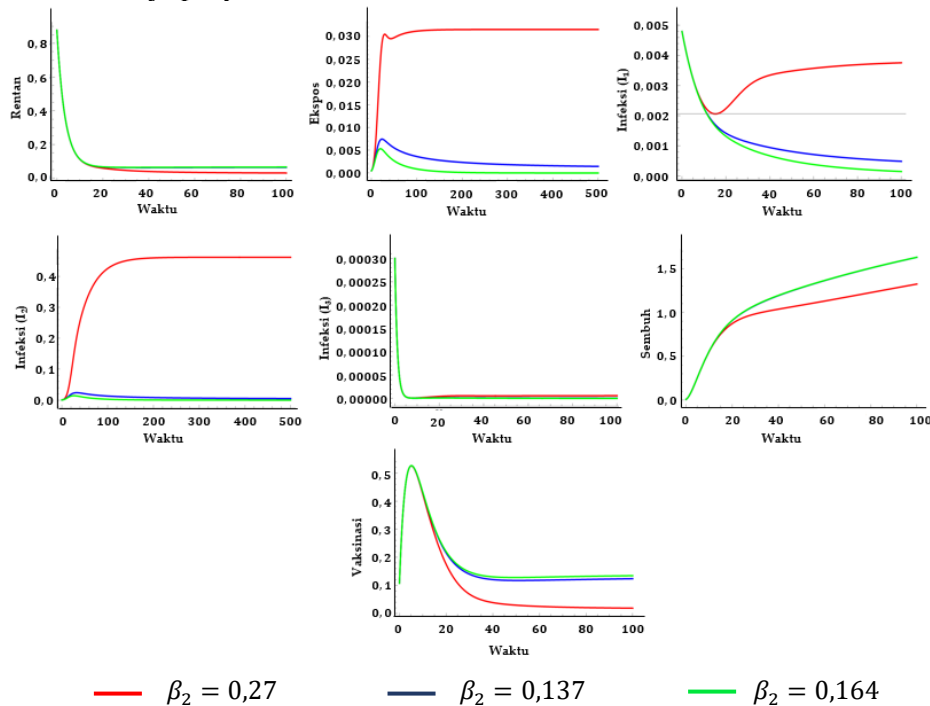
**Gambar 3. Dinamika Populasi Manusia dengan Perubahan Nilai  $\alpha$**

Gambar 3 menunjukkan semakin besar laju transmisi penyakit maka subpopulasi terekspos, terinfeksi dirawat dirumah sakit dan terinfeksi tidak teridentifikasi semakin naik. Hal ini diakibatkan penyebaran penyakit yang semakin meluas sehingga subpopulasi pembawa penyakit covid-19 semakin tinggi. Sementara itu, menurunnya grafik untuk subpopulasi tervaksinasi juga dapat dianggap akibat dari meningkatnya laju subpopulasi



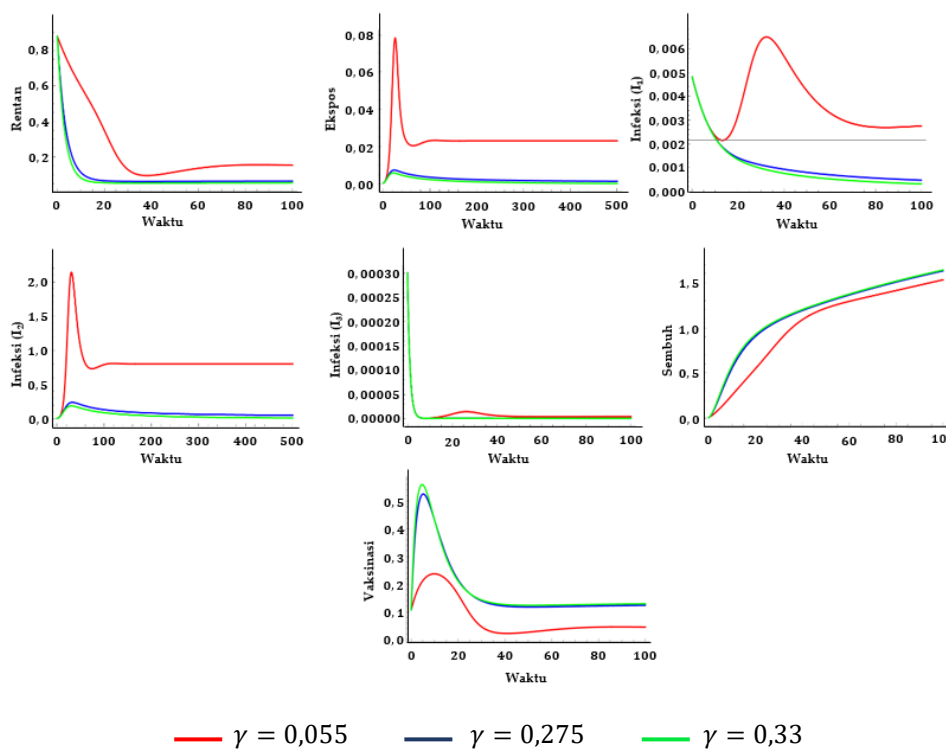
rentan menjadi subpopulasi terekspos, yang mana diketahui bahwa individu yang dapat divaksinasi hanyalah individu rentan yang tidak mengalami kontak dengan subpopulasi terinfeksi sebelumnya.

Grafik untuk subpopulasi terinfeksi yang melakukan isolasi mandiri terlihat tidak mengalami perubahan yang signifikan. Hal ini karena sejatinya subpopulasi yang melakukan isolasi mandiri adalah individu dengan imun yang kuat dan kemudian mendapatkan perawatan. Sehingga, baik laju tranmisi penyakit semakin meningkat maupun menurun tidak terlalu berpengaruh pada subpopulasi ini. Berdasarkan hal-hal tersebut, maka dapat disimpulkan bahwa pembatasan kontak langsung adalah langkah yang tepat untuk menekan laju penyebaran covid-19.



**Gambar 4. Dinamika Populasi Manusia dengan Perubahan Nilai  $\beta_2$**

Gambar 4 menunjukkan bahwa ketika laju kesembuhan dari subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi sangat kecil, maka penyebaran covid-19 semakin tinggi. Sebaliknya ketika laju semakin besar, maka penyebaran covid-19 semakin menurun. Berdasarkan grafik dapat disimpulkan bahwa daya tahan tubuh dari masing-masing individu sangat mempengaruhi penyebaran covid-19. Semakin baik daya tahan tubuh dalam menanggulangi virus covid-19 yang menyerang tubuh, semakin cepat pula harapan pemerintah untuk menekan kasus covid-19 terwujud. Oleh karena itu, vitamin dan suplemen sangat dibutuhkan untuk membantu meningkatkan daya tahan tubuh. Hal serupa dapat dilihat pada perubahan laju vaksinasi.



**Gambar 5. Dinamika Populasi Manusia dengan Perubahan Nilai  $\gamma$**

Hasil yang ditampilkan pada Gambar 5 menunjukkan bahwa semakin besar laju vaksinasi, maka jumlah subpopulasi sembuh akan meningkat, sedangkan untuk subpopulasi rentan, terkespos, terinfeksi dirawat di rumah sakit, dan terinfeksi tidak teridentifikasi semakin menurun. Sementara itu, untuk subpopulasi terinfeksi melakukan isolasi mandiri tidak mengalami perubahan yang signifikan.

Berdasarkan Gambar 4 dan Gambar 5, dapat dilihat bahwa ketika laju kesembuhan subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi dan laju vaksinasi dinaikkan, maka tercapailah keadaan dimana covid-19 tidak lagi menyebar. Grafik laju vaksinasi sendiri menunjukkan bahwa naik turunnya dinamika masing-masing subpopulasi terinfeksi, terutama terinfeksi yang dirawat di rumah sakit berbanding terbalik dengan subpopulasi vaksinasi. Hal ini sesuai dengan fakta lapangan bahwa subpopulasi infeksi tidak dapat divaksinasi, akibatnya ketika subpopulasi terinfeksi meningkat, maka tidak banyak subpopulasi rentan yang dapat divaksin.

Kesadaran diri untuk menjaga kesehatan, mengonsumsi vitamin serta secara berkala melakukan cek kesehatan merupakan hal-hal yang dapat dilakukan untuk menuntaskan pandemi covid-19 ini, disamping juga melakukan vaksinasi sesuai dengan dosis yang sudah disiapkan pemerintah. Pemberian vaksinasi dapat meningkatkan jumlah subpopulasi sembuh dimana berisikan individu-individu yang kebal terhadap covid-19.

**KESIMPULAN DAN SARAN**

Penelitian ini memodifikasi model SEIRV dengan membagi subpopulasi terinfeksi menjadi terinfeksi dirawat di rumah sakit, terinfeksi tidak teridentifikasi, dan terinfeksi melakukan isolasi mandiri. Hasil analisis dari model modifikasi ini titik tetap tanpa penyakit akan stabil asimtotik lokal dengan kondisi  $\mathcal{R}_0 < 1$  sedangkan titik tetap dengan penyakit akan stabil asimtotik lokal dengan kondisi  $\mathcal{R}_0 > 1$ . Analisis sensitivitas menunjukkan bahwa parameter laju transmisi penyakit, laju kesembuhan subpopulasi terinfeksi tidak teridentifikasi, dan laju vaksinasi memiliki nilai mutlak indeks sensitivitas paling besar, dimana berdasarkan hasil perubahan nilai laju vaksinasi diperoleh semakin besar laju vaksinasi maka subpopulasi pembawa penyakit akan semakin menurun. Artinya,

peningkatan laju pemberian vaksin adalah salah satu upaya yang tepat dilakukan untuk menanggulangi penyakit covid-19 di Indonesia.

#### DAFTAR RUJUKAN

- Adewole MO, Onifade AA, Abdullah FA, Kasali F, Ismail AIM. (2021). Modeling the dynamics of COVID-19 in Nigeria. *Int J Appl Comput Math.* 2021;7(3):67. doi: 10.1007/s40819-021-01014-5. Epub 2021 Apr 19. PMID: 33898652; PMCID: PMC8053898.
- Annas, S., Isbar Pratama, M., Rifandi, M., Sanusi, W., & Side, S. (2020). Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 110072. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110072>
- Castillo-Chaves, C., Song, B. (2004). Dynamical models of tuberculosis and their applications. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 1(2):361-404. DOI:10.3934/mbe.2004.1.361.
- Chitnis, N, Hyman, JM, Cushing, JM. (2008). Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model. *Bull. Math. Biol.* 70, 1272–1296. ( 10.1007/s11538-008-9299-0)
- Diagne, M. L., Rwezaura, H., Techoumi, S. Y., Tchuenche, J. M. (2021). A mathematical model of COVID-19 with vaccination and treatment. *Comput Math Methods Med.* DOI:10.1155/2021/1250129.
- Driessche, P., Watmough, J. (2002). Reproduction number and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180: 29-48. DOI:10.1016/s0025-5560(02)00108-6.
- Edelstein-Keshet, L. (2005). *Mathematical Models in Biology*. New York (Unites States of Amerika): Random House.
- Ivorra, B., Ferrandez, M. R., Vela-Perez, M., and Ramos. (2020). Mathematical modeling of the spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) taking into account the indetected infections. The Case of China. *MOMAT Research Group.* DOI:10.1016/j.cnsns.2020.105303.
- Ndondo, A. M., Kasereka, S. K., Bisuta, S. F., Kyamakya, K., Doungmo, E. F. G., & Ngoie, R. B. M. (2021). Analysis, modeling and optimal control of COVID-19 outbreak with three forms of infection in Democratic Republic of the Congo. *Results in Physics*, 24, 104096.
- Nuha, A. R., Achmad, N. (2021). Analisis Model Matematika Penyebaran COVID-19 Dengan Intervensi Vaksinasi dan Pengobatan,” *Jurnal Matematika UNAND*, Vol. 10, No.3. E-ISSN:2721-9410.
- Okabe, Y., Shudo, A., (2020). A mathematical model of epidemics- a tutorial for students. *Mathematics*, 8(7). DOI:10.3390/math8071174.
- Sasmita, N. R., Ikhwan, M., Suyanti, S., Chongsuvivatwong, V. (2020). Optimal control on a mathematical model to pattern the progression of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Indonesia. *Glob Heal Res Policy.* DOI:10.1186/s41256-020-00163-2.
- Shakhany, M. Q., Salimifard, K. (2021). Predicting the dynamical behavior of COVID-19 epidemic and the effect of control strategies. *ELSEVIER.* DOI:10.1016/j.chaos.2021.110823.
- Sugiyanto, S., Abrori, M. (2020). A Mathematical Model of the Covid-19 Cases in Indonesia (Under and Without Lockdown Enforcement). *Biology, Medicine, & Natural Product Chemistry.* 9. 15-19. 10.14421/biomedich.2020.91.15-19.
- Susilo, A., Rumende, C. M., Pitoyo, C. W., Santoso, W. D., Yulianti, M., Sinto, R., Singh, G., Nainggolan, L., Nelwan, E. J., Khie, L., Widhani, A., Wijaya, E., Wicaksana, B., Maksum, M., Annisa, F., Jasirwan, O. M., Yuniastuti, E., Penanganan, T., New,

- I., ... Cipto, R. (2020). Coronavirus disease 2019. *Tinjauan Literatur Terkini Coronavirus Disease 2019 : Review of Current Literatures*. 7(1), 45–67.
- Tang, B., Wang, X., Li, Q., Bragazzi, N. L., Tang, S., Xiao, Y., & Wu, J. (2019). Estimation of the transmission risk of the 2019-nCoV and its implication for public health interventions. *Journal of Clinical Medicine*. 1–13. DOI:10.3390/jcm9020462.
- Yang, B., Yu, Z., Cai, Y. (2022). The impact of vaccination on the spread of COVID-19: Studying by mathematical model. *ELSEVIER*. DOI:10.1016/j.physa.2021.126717.
- Yavuz, M., Cosar, F. O., Gunay, F., Ozdemir, F. N. (2021). A New mathematical modeling of the COVID-19 pandemic including the vaccination campaign. *Scientific Research: An Academic Publisher*. DOI:10.4236/ojmsi.2021.93020.
- Yuliana. (2020). Corona virus diseases (Covid-19); Sebuah tinjauan literatur. *WELLNESS AND HELATHY MAGAZINE*, Vol. 2 p. 187 – 192. DOI:10.15408/ppsj.v2i1.15456.
- Wachira, C. M., Lawi, G. O., Omondi, L. O. (2022). Sensitivity and optimal control analysis of an extended SEIR COVID-19 mathematical model. *J. Math*. DOI:10.1155/2022/1475507.
- Wali, M., Arsyad, S., Huang, J. (2022). Stability analysis of an extended SEIR covid-19 fractional model with vaccination efficiency. *Hindawi*, Vol. 2022. DOI:10.1155/2022/3754051.
- WHO. (2021). Coronavirus disease (Covid-19). [Online]. Available: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>. [Accessed: 18-Aug-2021].