

PENGARUH LAJU VAKSINASI PENYEBARAN PENYAKIT COVID-19 DENGAN VAKSINASI DUA DOSIS

A. S. P. Valentina¹, A. Kusnanto², P. Sianturi³, H. Sumarno⁴, dan N. K. K. Ardana⁵

¹⁾ Mahasiswa S1 Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor, Jl. Meranti, Kampus IPB Dramaga Bogor.
arindria_spv@apps.ipb.ac.id

^{2,3,4,5)}Departemen Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor, Jl. Meranti, Kampus IPB Dramaga Bogor.
ali_mat@apps.ipb.ac.id *corresponding author,
psianturi@apps.ipb.ac.id, hadisumarno@apps.ipb.ac.id, kutha@apps.ipb.ac.id

Abstrak

Penyakit *Coronavirus* 2019 (Covid-19) adalah penyakit karena virus SARS-CoV-2. Upaya melawan penyebaran penyakit ini salah satunya dengan vaksinasi. Penyebaran Covid-19 dan proses vaksinasi dua dosis ini dimodelkan menggunakan model matematika SEIV₁V₂RS. Penelitian ini bertujuan untuk melihat pengaruh laju vaksinasi terhadap perubahan bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0). Berdasarkan analisis terhadap sensitivitas parameter, yang memiliki pengaruh signifikan terhadap \mathcal{R}_0 adalah laju efektif penularan penyakit, laju vaksinasi dosis 1 dan laju vaksinasi dosis 2. Dari data yang dipilih pada penelitian ini menunjukkan bahwa jika hanya vaksinasi dosis 1 yang dilakukan maka lajunya harus dinaikkan sebesar 50% baru dapat membuat penyakit akan hilang. Tanpa vaksinasi dosis 1, laju vaksinasi dosis 2 harus dinaikkan 25 kali lipat agar penyakit akan hilang.

Kata kunci: analisis sensitivitas, bilangan reproduksi dasar, *Coronavirus*, vaksinasi dua dosis

1 Pendahuluan

Coronavirus disease 2019 (Covid-19), yang disebabkan oleh virus SARS-CoV-2, menyebabkan pandemi global di banyak negara. Penyakit ini dapat menular melalui kontak langsung antara individu terinfeksi dan orang lain, terutama saat berada dalam jarak dekat. Penyebaran juga dapat terjadi melalui droplet kecil yang keluar dari mulut atau hidung saat batuk, bersin, berbicara, atau bernapas berat. Risiko penularan ini akan meningkat ketika seseorang menyentuh permukaan yang terkontaminasi, seperti meja atau pegangan pintu, dan selanjutnya menyentuh mata, hidung, atau mulut mereka. Penting untuk diingat bahwa seseorang yang tidak menunjukkan gejala pun dapat menjadi sumber penularan virus kepada orang lain [12].

Menurut WHO [13], vaksin merupakan alat penting dalam melawan penyebaran penyakit Covid-19. Salah satu cara terbaik untuk melindungi diri sendiri dan orang lain dari penyakit Covid-19 adalah dengan vaksinasi. Vaksin bertindak untuk melatih sistem kekebalan tubuh untuk mengenali virus yang ditargetkan dan membuat antibodi untuk

melawan penyakit tanpa terkena penyakit itu sendiri [1]. Dalam tahapan vaksinasi dua dosis, vaksin dosis pertama berfungsi untuk mengenalkan vaksin dan kandungannya dengan membentuk antigen (protein yang merangsang produksi antibodi) ke sistem kekebalan untuk pertama kalinya. Sementara vaksin dosis kedua bertindak sebagai booster, memastikan sistem kekebalan menguatkan dan mengembangkan respons imun yang telah terbentuk sebelumnya untuk melawan virus jika bertemu lagi [13].

Pada tahun 2019, Kitano [9] mengkaji tentang model epidemi SVaVbEIRC. Pada penelitiannya melalui analisis sensitivitas, menggunakan vaksinasi dua dosis lebih baik daripada hanya satu dosis. Pada tahun 2022, Ayoola *et al.*[3] meneliti model SVVEIQR untuk memverifikasi pengaruh vaksin dosis pertama dan kedua dalam mengendalikan penyebaran pandemi Covid-19. Selanjutnya, dalam penelitian Omae *et al.* [11] mengkonfirmasi bahwa tindakan vaksinasi yang tepat akan cukup mengurangi jumlah individu terinfeksi dan menurunkan angka kematian.

Pada penelitian ini, akan dikonstruksi penyebaran penyakit Covid-19 dengan vaksinasi dua dosis yang mengacu pada model SVaVbEIRC yang dikembangkan oleh Kitano [9]. Tujuan dari penelitian ini adalah melakukan analisis sensitivitas untuk mengetahui parameter yang berpengaruh, dan melakukan simulasi numerik pada parameter yang dipilih.

2 Teori Pendukung

2.1 The Next Generation Matrix

The Next Generation Matrix digunakan untuk menentukan bilangan reproduksi dasar. Matriks ini dinamakan matriks G di mana

$$G = FV^{-1}.$$

Matriks F dan V^{-1} merupakan matriks berukuran $n \times n$ yaitu

$$F = \frac{\partial F_i}{\partial x_i}(x^*) \text{ dan } V = \frac{\partial V_i}{\partial x_i}(x^*),$$

dengan F_i merupakan matriks dari laju pertumbuhan infeksi pada kompartemen penyakit ke- i dan V_i merupakan matriks dari laju penurunan infeksi dari kompartemen ke- i yang dievaluasi pada titik tetap x^* [6].

2.2 Bilangan Reproduksi Dasar (\mathcal{R}_0)

Bilangan reproduksi dasar adalah rata-rata banyaknya individu rentan yang terinfeksi secara langsung oleh satu individu yang sudah terinfeksi. Bilangan reproduksi dasar merupakan ambang batas penularan suatu penyakit dilambangkan dengan \mathcal{R}_0 . Cara penentuannya dilakukan dengan mencari nilai eigen terbesar dari *the Next Generation Matrix* [5]. Hal yang mungkin terjadi adalah sebagai berikut:

1. Jika $\mathcal{R}_0 < 1$ maka jumlah individu terinfeksi akan menurun. Dalam hal ini penyakit akan menghilang.
2. Jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka jumlah individu terinfeksi akan meningkat. Dalam hal ini penyakit akan menyebar.

2.3 Analisis Sensitivitas

Analisis sensitivitas pada bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) bertujuan untuk mengidentifikasi parameter yang sensitif, sehingga dapat diketahui parameter yang paling

berpengaruh [8]. Analisis sensitivitas dilakukan dengan menurunkan persamaan \mathcal{R}_0 terhadap suatu parameter p . Hal tersebut dilakukan dengan menyelesaikan persamaan

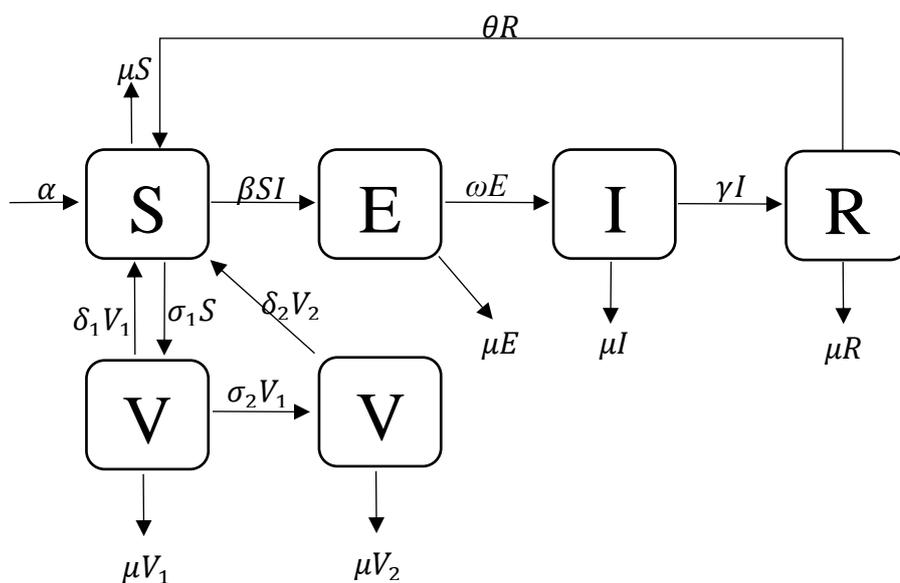
$$\gamma_p^{\mathcal{R}_0} = \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial p} \times \frac{p}{\mathcal{R}_0}.$$

Indeks sensitivitas digunakan untuk menunjukkan pengaruh pada bilangan \mathcal{R}_0 ketika ada perubahan pada nilai parameter p [10]. Indeks sensitivitas yang bernilai positif menunjukkan bahwa apabila nilai suatu parameter p dinaikkan dan parameter lainnya dibuat konstan maka akan menaikkan bilangan \mathcal{R}_0 . Sedangkan, jika indeks sensitivitas bernilai negatif menunjukkan bahwa kenaikan pada nilai parameter p dengan parameter yang lainnya tetap akan menurunkan bilangan \mathcal{R}_0 .

2.4 Formulasi Model

Penelitian ini membahas model matematika penyebaran penyakit Covid-19 dengan vaksinasi dua dosis. Model epidemi yang digunakan mengacu pada model epidemi yang dikembangkan oleh Kitano [9] yang dimodifikasi dengan menambahkan asumsi bahwa individu yang telah pulih tidak memiliki kekebalan yang permanen dan dapat kembali menjadi individu yang rentan. Gambar 1 menunjukkan diagram kompartemen model epidemi SEIV₁V₂RS dengan membagi populasi ke dalam enam kompartemen, yaitu *Susceptible* (S), *Exposed* (E), *Infected* (I), *First Vaccination* (V₁), *Second Vaccination* (V₂), dan *Recovered* (R) dengan asumsi :

1. Populasi rentan adalah individu dengan potensi terinfeksi penyakit.
2. Kekebalan yang diperoleh dari vaksinasi pertama dan kedua hanya bersifat sementara sehingga individu tersebut dapat kembali menjadi individu rentan.
3. Populasi *recovered* atau yang telah pulih tidak memiliki kekebalan yang permanen.



Gambar 1. Diagram kompartemen model SEIV₁V₂RS.

Berdasarkan Gambar 1, dapat dijelaskan bahwa jumlah populasi rentan (S) bertambah karena adanya individu yang masuk ke dalam populasi sebesar α . Pada populasi rentan terdapat individu yang terpapar virus Covid-19 dan mampu menularkan infeksi kepada individu yang rentan dengan laju penularan sebesar β . Individu dari

populasi rentan yang telah mendapat vaksin dosis pertama dengan laju sebesar σ_1 akan masuk ke dalam kelompok individu yang memperoleh vaksinasi dosis pertama (V_1). Individu dari populasi yang telah memperoleh vaksin dosis pertama dan telah mendapat vaksin dosis kedua dengan laju sebesar σ_2 akan masuk ke dalam kelompok individu yang telah memperoleh vaksinasi dosis kedua (V_2). Laju penurunan efektivitas vaksin dosis pertama sebesar δ_1 dan laju penurunan efektivitas vaksin dosis kedua sebesar δ_2 , sehingga individu yang telah tervaksin dosis pertama dan kedua dapat kembali menjadi individu rentan. Individu dari populasi yang terpapar (E) dapat menjadi individu yang terinfeksi (I) dengan laju sebesar ω . Individu terinfeksi memiliki kesempatan menjadi individu pulih (R) dengan laju pemulihan sebesar γ . Individu yang telah pulih dapat kembali menjadi individu rentan dengan laju penurunan kekebalan sebesar θ . Setiap kelas populasi terdapat kematian alami dengan laju kematian sebesar μ .

Berdasarkan diagram kompartemen pada Gambar 1 diperoleh sistem persamaan (1) sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \alpha - \beta S(t)I(t) + \theta R(t) + \delta_1 V_1(t) + \delta_2 V_2(t) - (\mu + \sigma_1)S(t), \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S(t)I(t) - (\omega + \mu)E(t), \\ \frac{dI}{dt} &= \omega E(t) - (\gamma + \mu)I(t), \\ \frac{dV_1}{dt} &= \sigma_1 S(t) - (\mu + \delta_1 + \sigma_2)V_1(t), \\ \frac{dV_2}{dt} &= \sigma_2 V_1(t) - (\mu + \delta_2)V_2(t), \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I(t) - (\mu + \theta)R(t).\end{aligned}\tag{1}$$

Keterangan masing-masing variabel dan parameter yang terdapat dalam sistem persamaan (1), ditunjukkan dalam Tabel 1.

Tabel 1 Variabel dan parameter model SEIV1V2RS.

Variabel	Keterangan	Parameter	Keterangan
S	Banyaknya populasi yang rentan,	α	Jumlah individu yang masuk ke dalam populasi
E	Banyaknya populasi yang terpapar,	μ	Laju kematian alami,
I	Banyaknya populasi yang terinfeksi,	β	Laju efektif penularan penyakit,
V_1	Banyaknya populasi yang memperoleh vaksinasi dosis pertama,	ω	Laju peningkatan individu terinfeksi,
V_2	Banyaknya populasi yang memperoleh vaksinasi dosis kedua,	γ	Laju pemulihan individu yang terinfeksi,
R	Banyaknya populasi yang telah pulih.	σ_1	Laju vaksinasi dosis pertama,
		σ_2	Laju vaksinasi dosis kedua,
		δ_1	Laju penyusutan vaksinasi dosis pertama,
		δ_2	Laju penyusutan vaksinasi dosis kedua,
		θ	Laju penurunan kekebalan.

dengan $\alpha, \mu, \beta, \omega, \gamma, \sigma_1, \sigma_2, \delta_1, \delta_2, \theta > 0$.

3 Hasil Pembahasan

3.1 Titik tetap bebas penyakit (E_0)

Titik tetap bebas penyakit diperoleh ketika semua individu dalam keadaan sehat dan tidak ada individu yang menularkan atau terinfeksi penyakit pada suatu populasi ($E = I = 0$). Berdasarkan sistem persamaan (1) titik tetap bebas penyakit adalah

$$E_0 = (s^*, 0, 0, v_1^*, v_2^*, 0) \quad (2)$$

dengan,

$$s^* = \frac{(\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2))}{\mu(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + \mu(\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2},$$

$$v_1^* = \frac{(\alpha(\delta_2 + \mu)\sigma_1)}{\mu(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + \mu(\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2},$$

$$v_2^* = \frac{(\alpha\sigma_1\sigma_2)}{\mu(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + \mu(\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2}.$$

Nilai \mathcal{R}_0 ditentukan menggunakan *the next generation matrix*, dengan mendefinisikan matriks \mathcal{F} dan \mathcal{V} sebagai berikut

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta SI \\ 0 \end{pmatrix},$$

$$\mathcal{V} = \begin{pmatrix} (\mu + \omega)E \\ -\omega E + (\gamma + \mu)I \end{pmatrix}.$$

Matriks F dan V merupakan turunan dari \mathcal{F} dan \mathcal{V} yang diturunkan terhadap E dan I yang dievaluasi pada titik tetap bebas penyakit (2), sehingga diperoleh matriks F dan V sebagai berikut

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta(\alpha(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2))}{\mu(\delta_1(\delta_2 + \mu) + (\mu + \sigma_1)(\mu + \sigma_2) + \delta_2(\mu + \sigma_1 + \sigma_2))} \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

$$V = \begin{pmatrix} (\mu + \omega) & 0 \\ -\omega & (\gamma + \mu) \end{pmatrix},$$

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{(\mu + \omega)} & 0 \\ \frac{\omega}{(\gamma + \mu)(\mu + \omega)} & \frac{1}{(\gamma + \mu)} \end{pmatrix}.$$

Selanjutnya, matriks G diperoleh dengan cara sebagai berikut

$$G = FV^{-1},$$

$$G = \frac{\alpha\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2)}{\mu(\gamma + \mu)((\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + (\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2)} \begin{pmatrix} \frac{\omega}{(\mu + \omega)} & 1 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Nilai \mathcal{R}_0 ditentukan dari nilai eigen dominan dari matriks G di atas. Berikut persamaan dari bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) yang diperoleh

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2)\omega}{\mu(\gamma + \mu)((\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + (\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2)(\mu + \omega)}. \quad (3)$$

3.2 Titik Tetap Endemik (E_1)

Titik tetap endemik diperoleh ketika masih terdapat individu yang terinfeksi atau sakit dalam suatu populasi. Berdasarkan sistem persamaan (1) diperoleh titik tetap endemik sebagai berikut

$$E_1 = (s^{**}, e^{**}, i^{**}, v_1^{**}, v_2^{**}, r^{**}) \quad (4)$$

dengan,

$$\begin{aligned} s^{**} &= \frac{((\gamma + \mu)(\mu + \omega))}{\beta\omega}, \\ e^{**} &= \frac{((\gamma + \mu)(\theta + \mu)(p^*))}{(q^*)}, \\ i^{**} &= \frac{((\theta + \mu)(p^*))}{\omega(q^*)}, \\ v_1^{**} &= \frac{(\gamma + \mu)\sigma_1(\mu + \omega)}{\beta(\delta_1 + \mu + \sigma_2)\omega}, \\ v_2^{**} &= \frac{(\gamma + \mu)\sigma_1\sigma_2(\mu + \omega)}{\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2)\omega}, \\ r^{**} &= \frac{(\gamma(p^*))}{(q^*)}, \end{aligned}$$

di mana

$$\begin{aligned} p^* &= \mu(\gamma + \mu)((\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + (\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2) + (-\beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2) + (\gamma + \mu)((\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_1) + (\delta_2 + \mu + \sigma_1)\sigma_2))\omega, \\ q^* &= \beta(\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2)((\theta + \mu)(\mu + \omega) + \gamma(\theta + \mu + \omega)). \end{aligned}$$

3.3 Kestabilan Titik Tetap

Analisis kestabilan dilakukan pada masing-masing titik tetap. Mengacu pada model persamaan (1) didefinisikan matriks Jacobian sebagai berikut

$$J = \begin{bmatrix} -(\beta i + \sigma_1 + \mu) & 0 & -\beta s & \delta_1 & \delta_2 & \theta \\ \beta i & J_{22} & \beta s & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \omega & J_{33} & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_1 & 0 & 0 & J_{44} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_2 & J_{55} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 & 0 & J_{66} \end{bmatrix}, \quad (5)$$

dengan $J_{22} = -(\omega + \mu)$, $J_{33} = -(\gamma + \mu)$, $J_{44} = -(\delta_1 + \sigma_2 + \mu)$, $J_{55} = -(\delta_2 + \mu)$, $J_{66} = -(\theta + \mu)$.

Teorema 1. Jika $\mathcal{R}_0 < 1$, titik tetap bebas penyakit sistem persamaan model (1) stabil asimtotik lokal dan tidak stabil jika $\mathcal{R}_0 > 1$.

Dengan mensubstitusikan titik tetap bebas penyakit (1) ke matriks J persamaan (5), diperoleh matriks J_{E_0} sebagai berikut:

$$J_{E_0} = \begin{bmatrix} J_{11}^* & 0 & -\beta s^* & \delta_1 & \delta_2 & \theta \\ 0 & J_{22} & \beta s^* & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \omega & J_{33} & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_1 & 0 & 0 & J_{44} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_2 & J_{55} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 & 0 & J_{66} \end{bmatrix},$$

$$\text{dengan } J_{11}^* = -(\sigma_1 + \mu), s^* = \frac{((\delta_2 + \mu)(\delta_1 + \mu + \sigma_2))}{(\delta_1(\delta_2 + \mu) + (\mu + \sigma_1)(\mu + \sigma_2) + \delta_2(\mu + \sigma_1 + \sigma_2))} = \mathcal{R}_0 \times k,$$

dan $k = \frac{(\gamma + \mu)(\omega + \mu)}{\omega}$. Selanjutnya diperoleh

$$J_{E_0} = \begin{bmatrix} J_{11}^* & 0 & -\mathcal{R}_0 \times k & \delta_1 & \delta_2 & \theta \\ 0 & J_{22} & \mathcal{R}_0(k) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \omega & J_{33} & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_1 & 0 & 0 & J_{44} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_2 & J_{55} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 & 0 & J_{66} \end{bmatrix},$$

sehingga diperoleh enam nilai eigen sebagai berikut

$$\lambda_1 = -\mu,$$

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

$$\lambda_3 = -\frac{1}{2} \left(\delta_1 + \delta_2 + 2\mu + \sigma_1 + \sigma_2 + \sqrt{(\delta_1 - \delta_2 + \sigma_1)^2 + 2(\delta_1 - \delta_2 - \sigma_1)\sigma_2 + \sigma_2^2} \right),$$

$$\lambda_4 = -\frac{1}{2} \left(\delta_1 + \delta_2 + 2\mu + \sigma_1 + \sigma_2 - \sqrt{(\delta_1 - \delta_2 + \sigma_1)^2 + 2(\delta_1 - \delta_2 - \sigma_1)\sigma_2 + \sigma_2^2} \right),$$

$$\lambda_5 = -\frac{1}{2} \left(\gamma + 2\mu + \omega + \sqrt{(\gamma - \omega)^2 + 4\mathcal{R}_0(\gamma + \omega)(\mu + \omega)} \right),$$

$$\lambda_6 = -\frac{1}{2} \left(\gamma + 2\mu + \omega - \sqrt{(\gamma - \omega)^2 + 4\mathcal{R}_0(\gamma + \omega)(\mu + \omega)} \right).$$

Berdasarkan keenam nilai eigen tersebut, dan karena semua parameter bernilai positif diperoleh nilai $\lambda_1 < 0$ dan $\lambda_2 < 0$. Jika $\delta_1 + \delta_2 + 2\mu + \sigma_1 + \sigma_2 > \sqrt{(\delta_1 - \delta_2 + \sigma_1)^2 + 2(\delta_1 - \delta_2 - \sigma_1)\sigma_2 + \sigma_2^2}$, maka nilai eigen λ_3 dan λ_4 bernilai negatif atau $\lambda_3 < 0$ dan $\lambda_4 < 0$. Sedangkan, nilai eigen λ_5 dan λ_6 bergantung pada nilai \mathcal{R}_0 . Jika $\mathcal{R}_0 < 1$, maka diperoleh nilai eigen λ_5 dan λ_6 bernilai negatif. Dengan demikian, dapat disimpulkan jika $\mathcal{R}_0 < 1$, maka titik tetap bebas penyakit (E_0) stabil. Namun, jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka terdapat nilai eigen yang bernilai positif yaitu λ_5 dan λ_6 serta adanya perkalian dua buah nilai eigen real sembarang yang bernilai negatif, sehingga jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka titik tetap bebas penyakit (E_0) bersifat sadel.

Teorema 2. Jika $\mathcal{R}_0 > 1$, maka titik tetap endemik sistem persamaan model (4) bersifat stabil asimtotik lokal.

Teorema ini dibuktikan dengan mensubstitusikan titik tetap endemik (4) pada matriks Jacobi (5). Dari matriks Jacobi ini, akan diperoleh enam nilai eigen dengan satu nilai eigen yang bernilai negatif. Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz [7], dengan menyelesaikan persamaan karakteristik yang diperoleh, syarat-syarat kondisi Routh-Hurwitz terpenuhi dan titik tetap endemik bersifat stabil asimtotik lokal.

3.4 Analisis Sensitivitas

Penelitian ini menggunakan data dari Badan Pusat Statistika Kabupaten Bogor pada tahun 2021. Total penduduk di Kabupaten Bogor yaitu 5489536. Berdasarkan data capaian vaksinasi di Kabupaten Bogor per 24 Agustus 2021 yang dikutip dari BPS [4], diasumsikan nilai awal $S(0) = 2325208$, $E(0) = 2000000$, $I(0) = 556$, $V_1(0) = 765000$, $V_2(0) = 355437$, dan $R(0) = 43335$. Tabel 2 berikut adalah tabel nilai nilai parameter yang digunakan dalam proses simulasi numerik.

Tabel 2 Nilai parameter model SEIV₁V₂RS.

Parameter	Nilai	Referensi
β	3.69×10^{-7}	Asumsi
α	216.09	Estimasi
ω	0.018	Asumsi
γ	0.610	Akuka <i>et al.</i> [2]
μ	$\frac{1}{71.36 \times 365}$	Estimasi
δ_1	0.0613	Akuka <i>et al.</i> [2]
δ_2	0.01	Asumsi
σ_1	0.0982	Akuka <i>et al.</i> [2]
σ_2	2.8213×10^{-4}	Akuka <i>et al.</i> [2]
θ	0.0167	Akuka <i>et al.</i> [2]

Berdasarkan nilai parameter pada Tabel 2 diperoleh nilai bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) sebesar 1.28761 atau $\mathcal{R}_0 > 1$ yang menunjukkan bahwa penyakit dalam kondisi endemik. Titik tetap endemik yang diperoleh dari sistem (1) yaitu $E_1(s^{**}, e^{**}, i^{**}, v_1^{**}, v_2^{**}, r^{**}) = (1.65675 \times 10^6, 597266, 17623, 2.64023 \times 10^6, 74204, 642243)$. Selanjutnya, disajikan Tabel 3 untuk indeks sensitivitas masing-masing parameter.

Tabel 3 Indeks sensitivitas.

Parameter	Indeks Sensitivitas
β	+1.
α	+1.
ω	+ 0.00212841
γ	- 0.999937
μ	-1.00174
δ_1	+0.617754
δ_2	+0.0169108
σ_1	- 0.620984
σ_2	- 0.0141325

Berdasarkan Tabel 3 dapat ditunjukkan bahwa parameter yang paling berpengaruh terhadap \mathcal{R}_0 adalah laju efektif penularan penyakit (β), jumlah individu yang masuk ke dalam populasi (α), laju kematian alami (μ), dan laju pemulihan individu yang terinfeksi (γ). Selain itu, terdapat parameter lain yang cukup berpengaruh terhadap \mathcal{R}_0 yaitu seperti laju peningkatan individu terinfeksi (ω), laju vaksinasi dosis pertama (σ_1), laju vaksinasi dosis kedua (σ_2), laju penyusutan vaksinasi dosis pertama (δ_1) dan laju vaksinasi dosis kedua (δ_2). Parameter-parameter dengan indeks sensitivitas yang bernilai positif seperti β , α , ω , δ_1 , dan δ_2 memiliki korelasi positif terhadap bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0),

artinya peningkatan nilai parameter-parameter tersebut mengakibatkan peningkatan nilai \mathcal{R}_0 . Sedangkan parameter-parameter dengan indeks sensitivitas yang bernilai negatif seperti γ , μ , σ_1 , dan σ_2 memiliki korelasi negatif terhadap bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0), artinya peningkatan nilai parameter-parameter tersebut mengakibatkan penurunan nilai \mathcal{R}_0 .

4 Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan untuk mengetahui pengaruh perubahan suatu parameter terhadap dinamika masing-masing subpopulasi. Pada penelitian ini, simulasi numerik hanya dilakukan pada parameter laju vaksinasi dosis pertama (σ_1), dan laju vaksinasi dosis kedua (σ_2).

4.1 Pengaruh Laju Vaksinasi Dosis 1 (σ_1)

Salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk mencegah penyebaran penyakit Covid-19 yaitu dengan adanya program vaksinasi Covid-19. Simulasi ini dilakukan untuk melihat pengaruh perubahan laju vaksinasi dosis pertama (σ_1) terhadap dinamika penyebaran penyakit di setiap subpopulasi. Perubahan pada nilai parameter σ_1 mempengaruhi perubahan pada nilai \mathcal{R}_0 dan titik tetap. Tabel 4 berikut merupakan tabel pengaruh perubahan nilai laju vaksinasi dosis pertama (σ_1) terhadap \mathcal{R}_0 dan titik tetap.

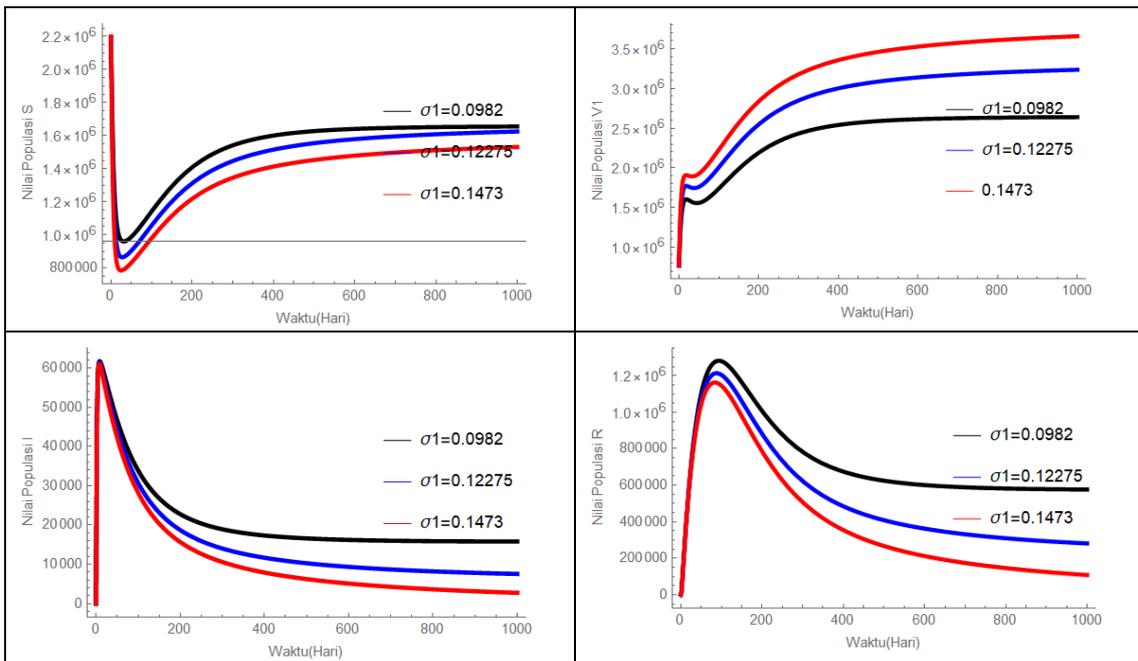
Tabel 4 Perubahan nilai parameter σ_1 terhadap \mathcal{R}_0 .

Nilai parameter (σ_1)	Nilai \mathcal{R}_0	Titik Tetap Stabil
0.0982	1.28761	$(1.65675 \times 10^6, 597290, 17623.8, 2.64023 \times 10^6, 74204, 642269)$
0.12275	1.11457	$(1.65675 \times 10^6, 274882, 8110.75, 3.30029 \times 10^6, 92755, 295581)$
0.1473	0.982537	$(1.62781 \times 10^6, 0, 0, 3.89119 \times 10^6, 109362, 0)$

Berdasarkan Tabel 4, dapat dilihat bahwa peningkatan nilai parameter σ_1 mengakibatkan penurunan pada nilai \mathcal{R}_0 . Ketika nilai parameter σ_1 dinaikkan sebesar 25% dari nilai awal menjadi $\sigma_1 = 0.12275$ masih diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 > 1$ yaitu sebesar 1.11457 dengan titik tetap sebesar $S = 1.65675 \times 10^6$, $E = 274882$, $I = 8110.75$, $V_1 = 3.30029 \times 10^6$, $V_2 = 92755$, dan $R = 295581$. Selanjutnya, ketika nilai parameter σ_1 dinaikkan sebesar 50% dari nilai awal menjadi $\sigma_1 = 0.1473$ diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 < 1$ yaitu sebesar 0.982537 dengan titik tetap sebesar $S = 1.62781 \times 10^6$, $E = 0$, $I = 0$, $V_1 = 3.89119 \times 10^6$, $V_2 = 109362$, dan $R = 0$. Gambar 2 berikut menyajikan dinamika masing-masing subpopulasi dengan variasi nilai parameter σ_1 .

Gambar 2 menunjukkan dinamika populasi ketika σ_1 dinaikkan sebesar 25% dan 50% dari nilai awal. Pada saat σ_1 dinaikkan sebesar 25% menjadi $\sigma_1 = 0.12275$, populasi masih dalam kondisi endemik. Selanjutnya, ketika σ_1 dinaikkan sebesar 50% dari nilai awal menjadi $\sigma_1 = 0.1473$, populasi dalam kondisi bebas penyakit. Peningkatan pada nilai σ_1 akan mengakibatkan penurunan pada populasi individu rentan,

individu terpapar, individu terinfeksi dan populasi individu yang sembuh serta terjadi peningkatan pada populasi vaksinasi dosis pertama dan populasi vaksinasi dosis kedua.



Gambar 2 Dinamika populasi dengan perubahan nilai σ_1 .

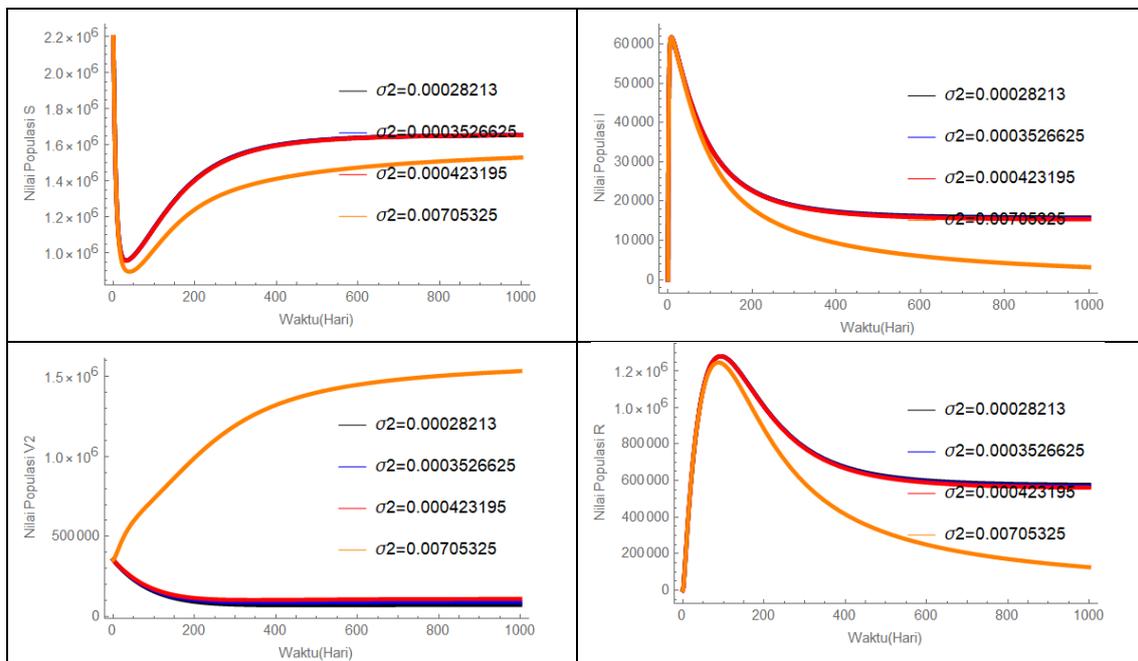
4.2 Pengaruh Laju Vaksinasi Dosis Kedua (σ_2)

Program vaksinasi dosis kedua dianjurkan untuk dilakukan dengan maksud menekan laju penyebaran penyakit. Simulasi ini dilakukan untuk melihat pengaruh laju vaksinasi dosis kedua (σ_2) terhadap dinamika penyebaran penyakit di setiap subpopulasi. Perubahan nilai pada parameter σ_2 berpengaruh terhadap perubahan nilai \mathcal{R}_0 dan titik tetap. Tabel 5 berikut adalah tabel hasil simulasi pengaruh perubahan nilai tingkat efektivitas vaksinasi dosis kedua (σ_2) terhadap nilai \mathcal{R}_0 dan titik tetap.

Tabel 5 Perubahan nilai parameter σ_2 terhadap \mathcal{R}_0 .

Nilai parameter (σ_2)	Nilai \mathcal{R}_0	Titik Tetap Stabil
2.8213×10^{-4}	1.2876	$(1.65675 \times 10^6, 597290, 17623.8, 2.64023 \times 10^6, 74204, 642269)$
3.526625×10^{-4}	1.28308	$(1.65675 \times 10^6, 589961, 17407.6, 2.63721 \times 10^6, 92649, 634388)$
4.23195×10^{-4}	1.27859	$(1.65675 \times 10^6, 582649, 17191.8, 2.6342 \times 10^6, 111052, 626525)$
7.05325×10^{-3}	0.986218	$(1.63391 \times 10^6, 0, 0, 2.34605 \times 10^6, 1.6484 \times 10^6, 0)$

Berdasarkan Tabel 5, dapat dilihat bahwa peningkatan pada nilai parameter σ_2 mengakibatkan penurunan pada nilai \mathcal{R}_0 . Ketika nilai parameter σ_2 dinaikkan sebesar 25% dan 50% dari nilai awal menjadi $\sigma_2 = 3.526625 \times 10^{-4}$ dan $\sigma_2 = 4.23195 \times 10^{-4}$ masih diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 > 1$ yaitu sebesar 1.28307 dan 1.27859. Nilai $\mathcal{R}_0 < 1$ diperoleh ketika parameter σ_2 dinaikkan sebesar dua puluh lima kali lipat menjadi $\sigma_2 = 7.05325 \times 10^{-3}$ sehingga diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 < 1$ sebesar 0.986209 dengan titik tetap sebesar $S = 1.63391 \times 10^6$, $E = 0$, $I = 0$, $V_1 = 2.34605 \times 10^6$, $V_2 = 1.6484 \times 10^6$, dan $R = 0$. Berikut disajikan gambar dinamika masing-masing subpopulasi dengan variasi nilai parameter σ_2 .



Gambar 3 Dinamika populasi dengan perubahan σ_2

Gambar 3 menunjukkan dinamika populasi ketika nilai parameter σ_2 dinaikkan 25%, 50% dan 25 kali lipat dari nilai awal. Ketika σ_2 dinaikkan sebesar 25% dan 50% populasi masih dalam keadaan endemik dapat dilihat bahwa pada dinamika populasi E dan I masih terdapat individu yang terpapar dan terinfeksi. Sedangkan saat σ_2 dinaikkan dua puluh lima kali lipat dari nilai awal, populasi dalam keadaan bebas penyakit. Berdasarkan Gambar 5, dapat dilihat bahwa tidak ada lagi individu yang terpapar dan terinfeksi dalam populasi E dan I ketika $\sigma_2 = 0.00705325$. Peningkatan nilai σ_2 akan mengakibatkan penurunan pada populasi individu rentan, populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi, populasi individu vaksinasi dosis pertama dan populasi individu yang sembuh.

5 Simpulan

Penelitian ini mengkonstruksi model matematika penyebaran penyakit Covid-19 menggunakan model matematika SEIV₁V₂RS. Dalam model ini diberikan vaksinasi dua dosis. Berdasarkan analisis sensitivitas parameter pada bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0),

indeks sensitivitas parameter σ_1 (laju vaksinasi dosis pertama) dan σ_2 (laju vaksinasi dosis kedua) bernilai negatif sehingga perubahan nilai parameter σ_1 dan σ_2 berbanding terbalik dengan perubahan nilai \mathcal{R}_0 . Peningkatan nilai parameter σ_1 dan σ_2 mengakibatkan penurunan pada nilai \mathcal{R}_0 , dan begitupun sebaliknya penurunan pada nilai parameter σ_1 dan σ_2 akan menaikkan nilai \mathcal{R}_0 .

Penurunan nilai parameter β sebesar 25% dan 50% dari nilai awal dengan nilai parameter lainnya konstan dapat menurunkan nilai \mathcal{R}_0 hingga $\mathcal{R}_0 < 1$. Pada parameter σ_1 , diperlukan peningkatan nilai parameter sebesar 50% dari nilai awal untuk menurunkan $\mathcal{R}_0 < 1$. Sedangkan pada parameter σ_2 , peningkatan sebesar 25% dan 50% belum dapat menurunkan nilai \mathcal{R}_0 hingga $\mathcal{R}_0 < 1$. Diperlukan peningkatan hingga dua puluh lima kali lipat dari nilai awal parameter σ_2 untuk mengubah nilai \mathcal{R}_0 sehingga $\mathcal{R}_0 < 1$. Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa jumlah individu terpapar dan terinfeksi menurun ketika laju vaksinasi dosis 1 serta dosis 2 dinaikkan. Hal ini menunjukkan bahwa untuk membuat kondisi bebas penyakit Covid-19 di suatu wilayah diperlukan adanya tindakan untuk meningkatkan laju vaksinasi dosis pertama serta vaksinasi dosis kedua.

Daftar Pustaka

- [1] Abadi, Fakhruddin M, Artiono R, Prawoto BP. 2020. Measles transmission model with vaccination and hospitalization treatments. *Communication in Biomathematical Sciences*. 3(2): 127-134.
- [2] Akuka PNA, Seidu B, Bornaa CS. 2022. Mathematical analysis of COVID-19 transmission dynamics model in Ghana with Double-dose vaccination and quarantine. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*. 1-10. <https://doi.org/10.1155/2022/7493087>.
- [3] Ayoola TA, Kolawole MK, Popoola AO. 2022. Mathematical model of COVID-19 transmission dynamics with double dose vaccination. *Tanzania Journal of Sciences*. 48(2): 499-512. doi:10.4314/tjsv48i2.23.
- [4] [BPS] Badan Pusat Statistik Kabupaten Bogor. Jumlah Penduduk Kabupaten Bogor Menurut Kelompok Umur dan Jenis Kelamin. bogorkab.bps.go.id. [diakses pada 2023 Mar 21]. <https://bogorkab.bps.go.id/indicator/12/115/1/jumlah-penduduk-menurut-kelompok-umur-dan-jenis-kelamin-di-kabupaten-bogor.html>.
- [5] Driessche VDP, Watmough J. 2002. Reproduction number and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*. 180(1-2):29-48. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6).
- [6] Driessche VDP, Watmough J. 2008. *Further Notes on the Basic Reproduction Number*. Berlin, Heidelberg:Springer.
- [7] Edelstein-Keshet L. 2005. *Mathematical Models in Biology*. New York (US): SIAM.
- [8] Hamby DM. 1994. A Review of Techniques for Parameter Sensitivity Analysis of Environmental Models. *Environmental Monitoring and Assessment*. 32(2):135-154. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00547132>.
- [9] Kitano T. 2019. Dynamic transmission model of routine mumps vaccination in Japan. *Epidemiology and Infection*. 147(60): 1-8. doi:10.1017/S0950268818003230.
- [10] Nakul C, James MH, Jim MC. 2008. Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity of a mathematical model. *Bulletin of Mathematical Biology*. 70(1):1272-1296.
- [11] Omae Y, Kakimoto Y, Sasaki M, Toyotani J, Hara K, Gon Y, Takahashi H. 2021. SIRVVD model-based verification of the effect of first and second doses COVID-19/SARS-CoV-2 vaccination in Japan. *Mathematical Biosciences and Engineering*. 19(1): 1026-1040. doi:10.3934/mbe.2022047.
- [12] Osuntokun OT, Binuyo AO, Akram M, Cristina GM. 2021. Transmission Dynamics of SARS-CoV-2 (COVID-19) with Vaccine Preventive Measures among Nigerian Populace Using Mathematical Modelling. *International Journal of Pathogen Research*. 6(3): 40-51. doi: 10.9734/IJPR/2021/v6i330164.
- [13] [WHO] World Health Organization. 2021. Getting the Covid-19 Vaccine [internet]. [diakses 2022 September 8]. Tersedia di <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/getting-the-covid-19-vaccine>.