

Model Stokastik Tipe SIRV Pada Penyebaran COVID-19 dengan Mempertimbangkan Efektivitas Vaksinasi

Sislia Utina¹, Ismail Djakaria², Isran K. Hasan³, Resmawan⁴, Agusyarif Rezka Nuha^{5*}, Salmun K. Nasib⁶

^{12345*6}Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Gorontalo, Jl. Prof. Dr. Ing. B. J. Habibie, Bone Bolango, Gorontalo 96119, Indonesia

Korespondensi; Agusyarif Rezka Nuha, Email: agusyarif@ung.ac.id

Abstrak

Model epidemik SIRV merupakan salah satu model epidemik yang merepresentasikan penyebaran penyakit menular pada empat kompartemen *susceptible*, *infected*, *recovered* dan *vaccinated*. Pada penelitian ini, model SIRV digunakan untuk mempelajari dinamika penyebaran penyakit COVID-19 dengan dua tahapan vaksinasi, yakni vaksinasi tahap 1 dan vaksinasi tahap 2. Analisis model dilakukan dengan menentukan bilangan reproduksi dasar, selanjutnya menentukan peluang transisi dan peluang terjadinya wabah dengan pendekatan stokastik *Continuous-time Markov Chain* (CTMC). Simulasi dilakukan untuk melihat pengaruh parameter laju vaksinasi tahap 1, laju penurunan efektivitas vaksin tahap 2 dan laju efektivitas pengobatan/treatment terhadap dinamika populasi. Hasil simulasi menunjukkan dengan laju vaksinasi sebesar 0,03% dapat menyebabkan berkurangnya jumlah individu rentan dan terinfeksi. Adapun tingkat efektivitas vaksin sebesar 60% efektif mengurangi jumlah individu yang terinfeksi. Selanjutnya pemberian pengobatan/treatment diperlukan sebanyak 8% per hari untuk mencegah meningkatnya kembali kasus infeksi agar penyebaran COVID-19 dapat menghilang dari populasi.

Kata Kunci: COVID-19, peluang wabah, stokastik, vaksinasi

Abstract

The SIRV epidemic model is an epidemic model that represents the spread of infectious diseases in four susceptible, infected, recovered, and vaccinated compartments. In this study, the SIRV model was used to study the dynamics of the spread of COVID-19 disease with two vaccination stages, namely, stage 1 vaccination and stage 2 vaccination. Analysis of the model is carried out by determining the basic reproduction number, then determining the probability of transition and the probability of outbreaks using the Continuous-time Markov Chain (CTMC) stochastic approach. Simulations were carried out to see the effect of the rate of 1st stage vaccination rate parameter, the rate of decline in the effectiveness of the 2nd stage vaccination, and the rate of treatment effects on population dynamics. The simulation results show that a large vaccination rate of 0,03% can reduce the number of susceptible and infected individuals. The level of effectiveness of the vaccine is as 60% effective as reducing the number of infected individuals. Furthermore, the provision of treatment is needed as much as 8% per day to prevent the re-infection of cases so that the spread of COVID-19 can disappear from the population.

Keywords: COVID-19, outbreak probability, stochastic, vaccination

Pendahuluan

Coronavirus Disease-2019 (COVID-19) merupakan salah satu penyakit menular yang disebabkan *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2* (SARS-CoV-2). Penyebaran virus corona terjadi secara langsung dari satu individu ke individu lain akibat *droplet* atau cipratan liur dari seseorang yang terinfeksi [1]. Walaupun dengan ukuran virus yang sangat kecil yaitu 120 nanometer, dalam satu lingkungan

dengan satu orang saja yang terinfeksi, seseorang tersebut mampu menularkan virus corona dengan cepat. Setahun setelah COVID-19 pertama kali dikonfirmasi di Indonesia, pada tanggal 17 April 2021 tercatat 1.599.763 kasus terkonfirmasi positif COVID-19 dengan total pasien sembuh 1.450.192 dan terdapat 43.328 orang meninggal dunia [2].

Upaya penerapan protokol kesehatan diterapkan demi menekan lonjaknya kasus yang terjadi. Mulai tanggal 13 Januari 2021 program vaksinasi COVID-19 di Indonesia dilakukan. Vaksinasi dilakukan dalam dua tahapan, karena suntikan vaksin COVID-19 berkaitan langsung dengan pembentukan antibodi dan mutasi virus corona dalam tubuh manusia. Selain mengutamakan penerapan protokol kesehatan, dalam penanganan pandemi ini sejumlah penelitian mulai dikembangkan. Dalam bidang matematika, model matematika dikembangkan untuk mempelajari sifat, dinamika serta efek yang ditimbulkan dari penyebaran COVID-19 sesuai dengan perkembangan karakteristik COVID-19 yang ditemukan di lapangan, baik dari sisi pola penyebarannya maupun cara untuk mengantisipasi penularannya.

Pada awal terjadinya wabah, beberapa riset dilakukan untuk membahas model matematika penyebaran penyakit COVID-19. Diantaranya adalah penggunaan model dengan estimasi parameter berupa *smoothing* [3], [4] konstruksi model dan melibatkan intervensi karantina (Resmawan et al., 2021) serta kajian dengan mempertimbangkan faktor vaksinasi, pengobatan, karantina, kepatuhan dalam melaksanakan protokol kesehatan [6], [7]. Selain itu, penelitian yang telah membahas model matematika penyebaran COVID-19 dapat ditemukan pada [8]–[13].

Salah satu model yang dapat digunakan untuk membahas penyebaran COVID-19 adalah model stokastik. Model ini menggunakan kaidah peluang dalam merepresentasikan kondisi atau dinamika penyebaran penyakit. Penerapan model stokastik dalam penyebaran penyakit diantaranya dapat dianalisis dengan menggunakan pendekatan rantai markov. Penelitian yang telah membahas penggunaan model stokastik dengan rantai markov dapat dilihat di [14], [15].

Penelitian ini mengkaji pengembangan model stokastik dengan pendekatan *Continuous Time Markov Chain* (CTMC) untuk mempelajari dinamika penyebaran penyakit COVID-19. Model yang dikembangkan mengacu pada penelitian [6] yaitu dengan memodifikasi menambahkan dua kelas subpopulasi yang mewakili individu yang telah divaksin, yaitu vaksinasi tahap 1 (V_1) dan vaksinasi tahap 2 (V_2). Analisis yang dilakukan mencakup perhitungan peluang terjadinya wabah berdasarkan tingkat efektivitas vaksinasi COVID-19 dan efektivitas pemberian pengobatan/treatment juga dipertimbangkan dengan tujuan agar model yang dibentuk lebih merepresentasikan keadaan atau fakta yang berlaku di lapangan. Bagian akhir dari penelitian ini adalah simulasi numerik untuk merepresentasikan model berdasarkan asumsi-asumsi yang diberikan.

Metode

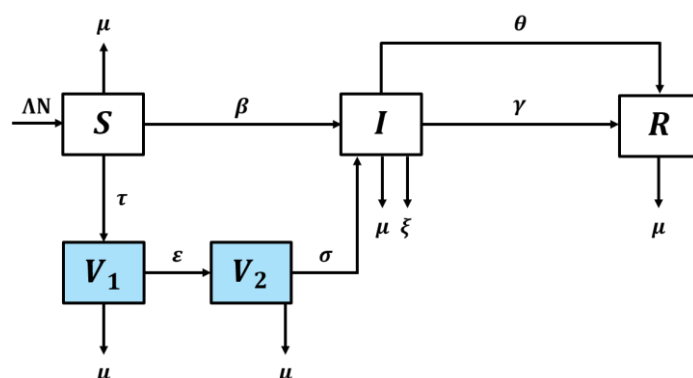
Kajian terhadap model diawali dengan menentukan asumsi yang berkaitan dengan masalah penyebaran COVID-19, kemudian mengkonstruksi model berdasarkan asumsi yang ditentukan. Analisis model dilakukan dengan menentukan bilangan reproduksi dasar, selanjutnya menentukan peluang transisi dan peluang terjadinya wabah dengan pendekatan stokastik Continuous-time Markov Chain (CTMC).

Hasil dan Pembahasan

Model epidemik SIRV pada penelitian ini mendeskripsikan penyebaran penyakit COVID-19 pada kelas populasi individu rentan (susceptible), individu terinfeksi (infected), individu sembuh (recovered), individu vaksinasi tahap 1, dan individu vaksinasi tahap 2. Pada model ini, diasumsikan bahwa laju kelahiran tidak sama dengan laju kematian, dengan kata lain ukuran populasi total tidak konstan. Adapun pada kelas individu vaksinasi tahap 1 dilakukan pemberlakuan karantina, sehingga tidak terjadi interaksi antar kelas populasi. Selanjutnya, tingkat efektivitas vaksin sama dengan tingkat kekebalan tubuh, dan populasi individu dalam kelas vaksinasi tahap 1 akan menjadi rentan atau terinfeksi apabila tingkat efektivitas dari vaksin menurun. Kemudian untuk populasi individu yang sembuh akibat terinfeksi COVID-19 diasumsikan memiliki antibodi terhadap virus dan menjadi kebal terhadap penyakit karena

sudah terdapat sistem imun dalam tubuhnya, Terakhir, total populasi dituliskan dengan $N = S + I + R + V_1 + V_2$.

Berdasarkan asumsi yang diberikan, maka skema model epidemik SIRV diilustrasi pada diagram kompartemen berikut.



Gambar 1. Diagram Kompartemen Model SIRV.

Peluang Transisi

Peluang transisi model epidemik SIRV stokastik dengan pendekatan rantai Markov waktu kontinu (CTMC) didefinisikan dalam bentuk infinitesimal transition probabilities dimana terdapat $o(\Delta t)$ dengan $\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} = 0$ yang menunjukkan suatu nilai probabilitas yang sangat kecil dan tidak dapat dinyatakan secara pasti. Proses stokastik model epidemik $\vec{X}(t) = (S(t), I(t), V_1(t), V_2(t), R(t))$ dimana $t \in [0, \infty)$ didefinisikan sebagai berikut.

$$p_{a \rightarrow b}(\Delta t) = \text{Prob}\{\vec{X}(t)(t + \Delta t) = \mathbf{b} \mid \vec{X}(t) = \mathbf{a}\} = P(\mathbf{a}, \mathbf{b})\Delta t + o(\Delta t).$$

Berdasarkan perubahan transisi yang terjadi maka untuk model epidemik SIRV dengan CTMC diperoleh peluang transisi sebagai berikut.

$$P = \begin{cases} \Lambda N \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s + 1, i, r, v_1, v_2) \\ \mu S \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s - 1, i, r, v_1, v_2) \\ \frac{\beta SI}{N} \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s - 1, i + 1, r, v_1, v_2) \\ \tau S \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s - 1, i, r, v_1 + 1, v_2) \\ \epsilon V_1 \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i, r, v_1 - 1, v_2 + 1) \\ \frac{\sigma \beta V_2 I}{N} \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i + 1, r, v_1, v_2 - 1) \\ \mu V_1 \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i, r, v_1 - 1, v_2) \\ \mu V_2 \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i, r, v_1, v_2 - 1) \\ (\mu + \xi) I \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i - 1, r, v_1, v_2) \\ (\gamma + \theta) I \Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i, r + 1, v_1, v_2) \\ 1 - G(t)\Delta t + o(\Delta t) & (s, i, r, v_1, v_2) = (s, i, r, v_1, v_2) \end{cases} \quad (1)$$

dengan

$$G(t) = \left(\Lambda N + \mu S + \frac{\beta SI}{N} + \tau S + \epsilon V_1 + \frac{\sigma \beta V_2 I}{N} + \mu V_1 + \mu V_2 + (\xi + \mu + \gamma + \theta) I \right).$$

Menggunakan sifat Markov dan infinitesimal transition probabilities, peluang pada waktu $t + \Delta t$ dinyatakan sebagai berikut.

$$p_{(s,i,r,v_1,v_2)}(t + \Delta t) = p_{(s+1,i,r,v_1,v_2)}[\Lambda N \Delta t + o(\Delta t)] + p_{(s-1,i,r,v_1,v_2)}[\mu (s - 1)\Delta t + o(\Delta t)]$$

$$\begin{aligned}
& +p_{(s-1,i+1,r,v_1,v_2)} \left[\frac{\beta(s-1)(i+1)}{N} \Delta t + o(\Delta t) \right] \\
& + p_{(s-1,i,r,v_1+1,v_2)} [\tau(s-1)\Delta t + o(\Delta t)] \\
& + p_{(s,i,r,v_1-1,v_2+1)} [\varepsilon(v_1-1)\Delta t + o(\Delta t)] \\
& + p_{(s,i+1,r,v_1,v_2-1)} \left[\frac{\sigma\beta(v_2-1)(i+1)}{N} \Delta t + o(\Delta t) \right] \\
& + p_{(s,i,r,v_1-1,v_2)} [\mu(v_1-1)\Delta t + o(\Delta t)] \\
& + p_{(s,i,r,v_1,v_2-1)} [\mu(v_2-1)\Delta t + o(\Delta t)] \\
& + p_{(s,i-1,r,v_1,v_2)} [(\mu+\xi)(i-1)\Delta t + o(\Delta t)] \\
& + p_{(s,i-1,r+1,v_1,v_2)} [(\gamma+\theta)(i-1)\Delta t + o(\Delta t)] \\
& + p_{(s,i,r,v_1,v_2)} \left[1 - \left(\Lambda n + (\mu+\tau)s + \frac{\beta si}{n} + \frac{\sigma\beta v_2 i}{n} + (\mu+\varepsilon)v_1 + \mu v_2 + \right. \right. \\
& \left. \left. (\xi+\mu+\gamma+\theta)i \right) \Delta t + o(\Delta t) \right]
\end{aligned} \tag{2}$$

Peluang Wabah

Wabah akan terjadi jika minimal terdapat satu individu yang terinfeksi atau jumlah individu terinfeksi semakin meningkat. Peluang wabah diperkirakan dengan model jalan acak sederhana. Misalkan $I(n)$ variabel acak pada waktu t dalam state $0, 1, 2, \dots$. Jika $I(n) = i$ maka hanya terdapat satu perpindahan pada interval waktu berikutnya. Perpindahan state saat individu terinfeksi bertambah $i \rightarrow i+1$ dinotasikan dengan peluang p dan perpindahan state saat individu terinfeksi berkurang $i \rightarrow i-1$ dinotasikan dengan peluang q [16]. Sehingga peluang individu bebas penyakit $Prob\{I(n) = 0\}$ dapat dicari menggunakan persamaan berikut.

$$\lim_{t \rightarrow \infty} Prob\{I(n) = 0\} = \begin{cases} 1, & p \leq q \\ \left(\frac{q}{p}\right)^{i_0} & p > q. \end{cases} \tag{3}$$

Untuk mengetahui potensi penyebaran penyakit dalam suatu populasi, ditentukan bilangan reproduksi dasar ($\mathcal{R}_0$) model dengan menggunakan *the next generation matrix* [17]. Berikut diperoleh laju infeksi matriks F dan laju transisi matriks V .

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} \beta \left(\frac{\Lambda}{\mu+\tau} + \frac{\varepsilon\Lambda\sigma\tau}{\mu(\varepsilon+\mu)(\mu+\tau)} \right) & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, \text{ dan } \mathbf{V} = \begin{pmatrix} \gamma+\theta+\mu+\xi & 0 \\ -\gamma-\theta & \mu \end{pmatrix}$$

berdasarkan metode [12] diperoleh bilangan reproduksi dasar sebagai berikut.

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta\Lambda(\mu(\varepsilon+\mu)+\varepsilon\sigma\tau)}{\mu(\varepsilon+\mu)(\gamma+\theta+\mu+\xi)(\mu+\tau)} \tag{4}$$

Selanjutnya, peluang wabah ditentukan dengan menggunakan prinsip *probability generating function* (pgf) pada proses bercabang ganda [16]. Pada awal terjadinya penyakit $I(0) = 1$, sehingga diperoleh pgf untuk I adalah

$$f(u) = \frac{\frac{\beta S}{N}u^2 + \frac{\sigma\beta V_2}{N}u^2 + \theta + \gamma + \mu + \xi}{\frac{\beta S}{N} + \frac{\sigma\beta V_2}{N} + \theta + \gamma + \mu + \xi} \tag{5}$$

Pada kondisi tertentu untuk nilai pgf $0 < q < 1$, terdapat $f(q) = q$, maka berdasarkan persamaan (5) diperoleh

$$q = \frac{\mu(\varepsilon+\mu)(\gamma+\theta+\mu+\xi)(\mu+\tau)}{\beta\Lambda(\mu(\varepsilon+\mu)+\varepsilon\sigma\tau)} \tag{6}$$

Dari persamaan (4) dan (6) diperoleh $q = \frac{1}{\mathcal{R}_0}$.

Sehingga, peluang tidak adanya individu terinfeksi adalah

$$Prob\{I(n) = 0\} = \begin{cases} 1, & \mathcal{R}_0 \leq 1 \\ \left(\frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)^{i_0}, & \mathcal{R}_0 > 1 \end{cases} \quad (7)$$

Berdasarkan persamaan (7), diperoleh peluang terjadinya wabah adalah

$$\mathcal{P}_0 = 1 - P\{I(n) = 0\}$$

atau

$$\mathcal{P}_0 = \begin{cases} 0, & \mathcal{R}_0 \leq 1 \\ \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)^{i_0}, & \mathcal{R}_0 > 1. \end{cases} \quad (8)$$

Estimasi Parameter

Parameter yang diestimasi dalam model adalah laju infektivitas penyakit (β), laju penyembuhan penyakit (γ), laju vaksinasi tahap pertama (τ) dan laju vaksinasi tahap kedua (ε). Berdasarkan peluang transisi persamaan (2), diperoleh.

$$I(t + \Delta t) - I(t) = \beta SI\Delta t - \gamma I\Delta t + o(\Delta t)$$

Misalkan $o(\Delta t) = 0$, maka

$$\frac{I(t+\Delta t)-I(t)}{\Delta t} = \beta SI - \gamma I. \quad (9)$$

Berdasarkan persamaan (9), diperoleh

$$\begin{aligned} \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{I(t+\Delta t)-I(t)}{\Delta t} &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \beta SI - \gamma I \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta SI - \gamma I \end{aligned} \quad (10)$$

Karena diawal waktu belum terdapat individu yang terinfeksi, maka berdasarkan persamaan (10), diperoleh

$$\frac{dI}{dt} \approx (\beta - \gamma)I \quad (11)$$

dengan melakukan pengintegralan pada persamaan (11), diperoleh

$$I = I_0 e^{(\beta - \gamma)t}. \quad (12)$$

Misalkan $m = \beta - \gamma$, persamaan (12) menjadi

$$I = I_0 e^{mt} \quad (13)$$

Selanjutnya I_0 dan m dapat dihitung menggunakan regresi eksponensial.

Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan berdasarkan hasil analisis model epidemik SIVR stokastik pada persamaan (2). Dalam simulasi ditunjukkan dinamika awal populasi, pengaruh setiap parameter terhadap peluang terjadinya wabah, pengaruh jumlah individu yang divaksin, dan efektivitas vaksinasi serta pengaruh pemberian pengobatan/treatment dalam pengendalian penyakit COVID-19.

Estimasi parameter dengan menggunakan data penyebaran COVID-19 di Indonesia pada periode Maret 2020 sampai dengan Desember 2020 [18]. Metode regresi eksponensial digunakan untuk menghitung laju infektivitas dan penyembuhan penyakit. Adapun perhitungan laju vaksinasi tahap pertama didasarkan pada total vaksinasi dosis 1 sampai dengan tanggal 30 Juni 2021. Selanjutnya laju

vaksinasi tahap 2 didasarkan pada rentang waktu pemberian vaksin dengan perhitungan sebagai berikut. Perhitungan dilakukan dengan menggunakan persamaan berikut:

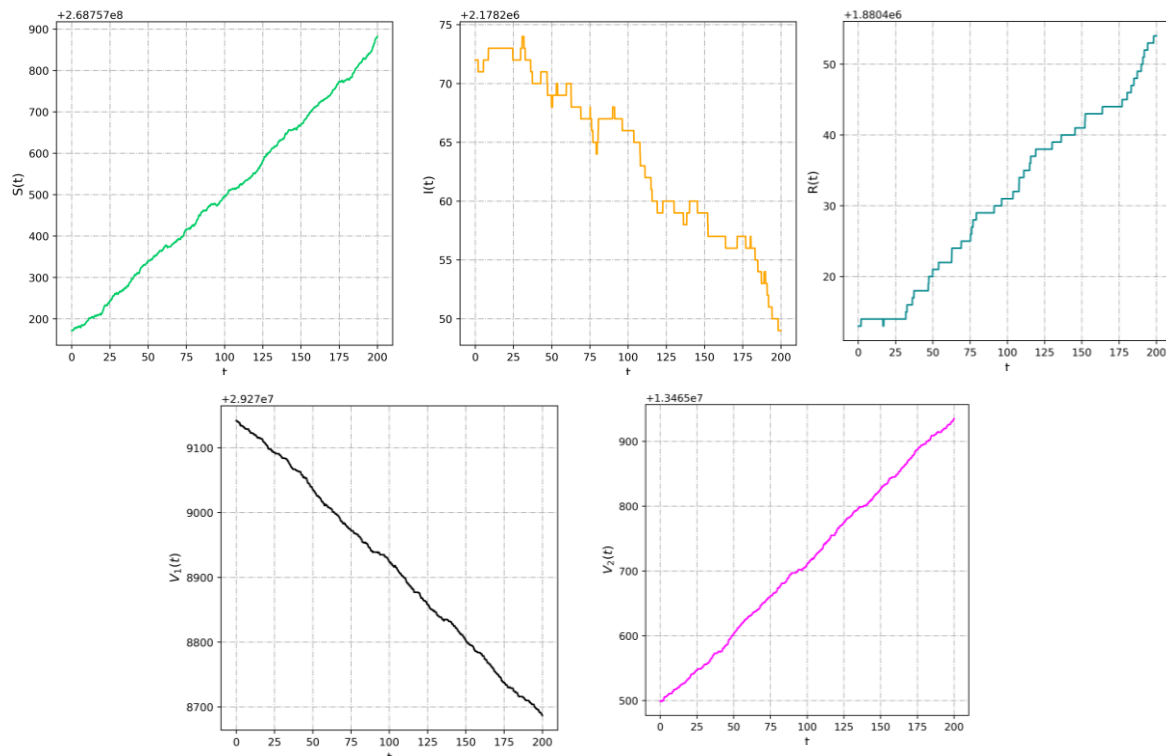
$$\tau = \frac{\text{Jumlah dosis 1}}{\text{Jumlah hari} \times \text{Sasaran vaksinasi}} \quad \text{dan} \quad \varepsilon = \frac{1}{\text{Rentang waktu}}$$

Secara umum nilai parameter yang digunakan dalam melakukan simulasi numerik, ditunjukkan pada Tabel 1.

Tabel 1 Nilai Parameter Model

Parameter	Keterangan	Nilai
Λ	Laju Kekahiran	0,021/hari
β	Laju infeksi penyakit	0,057/hari
τ	Laju vaksinasi tahap 1	$8,4 \times 10^{-4}$ /hari
ε	Laju vaksinasi tahap 2	4×10^{-4} /hari
σ	Laju penurunan efektivitas vaksin tahap 2	0,6/hari
μ	Laju kematian alami	$6,25 \times 10^{-3}$ /hari
ξ	Laju kematian akibat COVID-19	$2,2 \times 10^{-4}$ /hari
γ	Laju penyembuhan penyakit	0,039/hari
θ	Laju pengobatan	0,06/hari

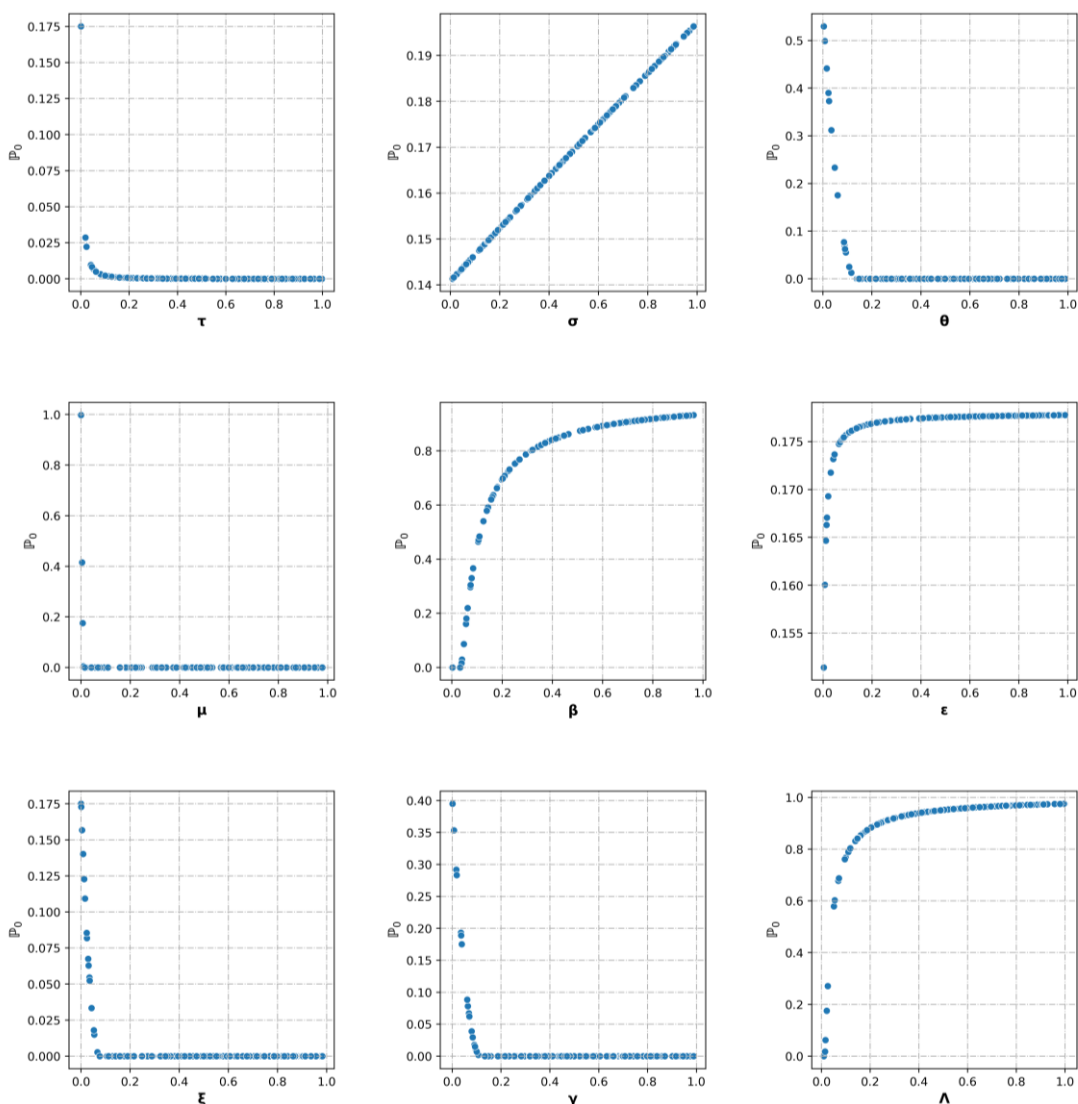
Nilai parameter pada Tabel 1 digunakan sebagai tolak ukur awal dalam melakukan simulasi numerik. Oleh karena simulasi ini bertujuan untuk melihat dinamika populasi pada sistem apabila diberikan beberapa kondisi berbeda, maka untuk pemilihan beberapa kondisi tersebut dilakukan dengan mempertimbangkan bahwa meningkat atau menurunnya nilai parameter yang berpengaruh terhadap sistem. Berdasarkan persamaan (2), berikut merupakan simulasi awal model stokastik.



Gambar 2. Dinamika Penyebaran COVID-19.

Berdasarkan Gambar 2, dalam rentang waktu 200 hari, jumlah individu terinfeksi dan jumlah individu vaksinasi tahap 1 diawal waktu terjadi peningkatan drastis kemudian semakin menurun dikarenakan perpindahan individu pada subpopulasi kelas vaksinasi tahap 2. Sedangkan untuk jumlah individu rentan, jumlah individu vaksinasi tahap 2, dan jumlah individu sembuh pada awal waktu terus mengalami peningkatan hingga akhir. Hal ini menunjukkan bahwa pandemi COVID-19 seiring berjalannya waktu akan terus berkurang dan menghilang dari populasi akibat meningkatnya jumlah individu vaksinasi tahap 2 dan jumlah individu sembuh yang menjadi kebal terhadap penyakit.

Selanjutnya dilakukan perhitungan untuk melihat pengaruh setiap parameter terhadap perubahan nilai peluang terjadinya wabah $\mathcal{P}_0$ pada persamaan (8). Adapun hasil perhitungan dapat dilihat pada Gambar 3 yang menunjukkan bahwa laju vaksinasi tahap 1, laju penurunan efektivitas vaksin tahap 2 dan laju efektivitas pengobatan/treatment sangat berpengaruh terhadap dinamika populasi. Peningkatan laju vaksinasi tahap 1 mengakibatkan menurunnya nilai peluang terjadinya wabah. Hal serupa berlaku pada laju efektivitas pengobatan/treatment. Sementara itu, penurunan efektivitas tahap 2 mengakibatkan meningkatnya nilai peluang terjadinya wabah.

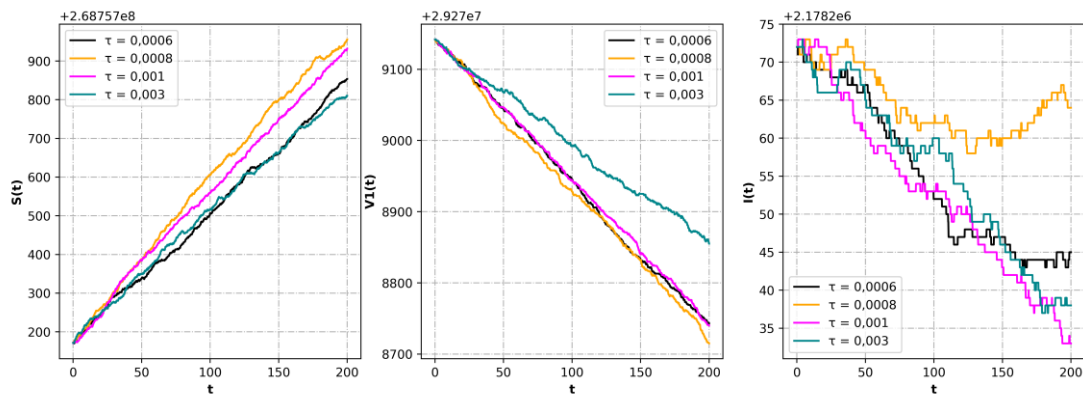


Gambar 3. Pengaruh Parameter Terhadap Perubahan $\mathcal{P}_0$.

Pengaruh Jumlah Individu yang Divaksin

Simulasi dilakukan dengan memberikan beberapa kondisi berbeda terhadap parameter vaksinasi yakni laju vaksinasi tahap 1 (τ). Awal mulanya hanya sebanyak 0,084% individu rentan yang

divaksinasi seperti Gambar 3. Akan ditunjukkan bahwa perubahan nilai parameter vaksinasi dapat mengubah dinamika populasi. Adapun dinamika populasi dapat dilihat pada Gambar 4.

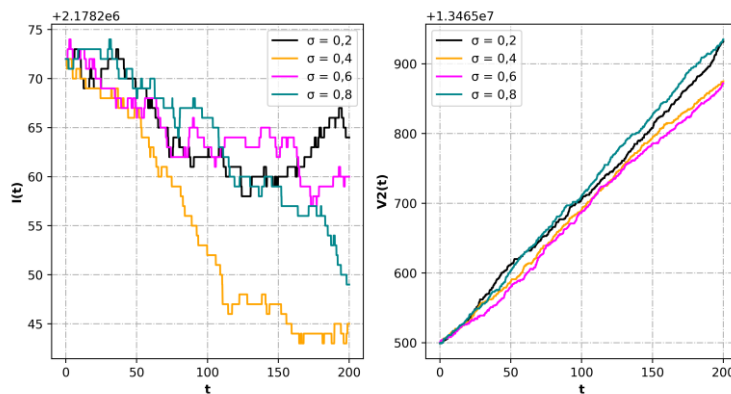


Gambar 4. Pengaruh Parameter τ terhadap dinamika S , V_1 , dan I .

Gambar 4 menunjukkan bahwa dengan memberikan perbedaan perlakuan pada individu vaksinasi tahap 1, mengakibatkan semakin tinggi nilai proporsi dan nilai parameter lain tetap, maka jumlah individu vaksinasi tahap 1 terus mengalami peningkatan. Sedangkan jumlah individu terinfeksi dan jumlah individu rentan mengalami penurunan. Hal ini menunjukkan dengan meningkatkan laju vaksinasi tahap 1 menyebabkan berkurangnya jumlah individu rentan dan terinfeksi. Adapun dengan laju vaksinasi tahap 1 sebesar 0,03% sudah mampu menekan wabah penyebaran COVID-19.

Efektivitas Vaksinasi

Simulasi dilakukan untuk mengetahui pengaruh dari laju penurunan efektivitas vaksin tahap 2 (σ). Untuk melihat pengaruh dari penurunan efektivitas vaksin terhadap dinamika populasi, dilakukan beberapa skenario dengan menaikkan atau menurunkan nilai parameter laju penurunan efektivitas vaksin tahap 2 (σ).

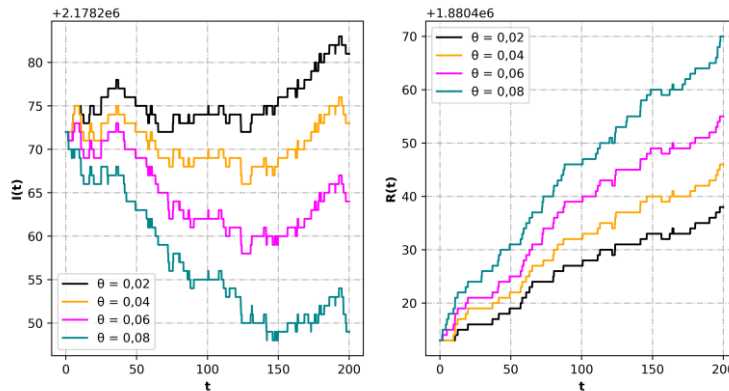


Gambar 5. Pengaruh Parameter σ terhadap dinamika V_2 dan I .

Berdasarkan Gambar 5, ketika laju penurunan efektivitas vaksin (σ) diperbesar menjadi 0,8 serta nilai parameter lain tetap, terlihat pada dinamika populasi jumlah individu vaksinasi tahap 2 menurun dan jumlah individu terinfeksi mengalami peningkatan. Sementara ketika laju penurunan efektivitas vaksin diperkecil menjadi 0,2 dan 0,4 serta nilai parameter lain tetap, terlihat pada dinamika populasi jumlah individu vaksinasi 2 mengalami peningkatan yang secara tidak langsung menyebabkan jumlah individu terinfeksi menurun. Oleh karena itu, secara keseluruhan penurunan efektivitas vaksin minimal sebesar 40% menunjukkan terdapat tingkat efektivitas vaksin sebesar 60% yang cukup efektif mengurangi jumlah individu yang terinfeksi.

Efektivitas Pengobatan

Perhitungan kali ini dilakukan berdasarkan perubahan nilai terhadap parameter (θ) untuk mengetahui efektivitas pemberian pengobatan/treatment. Hasil perhitungan sebagaimana yang terdapat pada Gambar 6, menunjukkan bahwa ketika nilai parameter θ diperbesar 8% dan nilai parameter lain tetap, dinamika populasi jumlah individu terinfeksi mengalami penurunan dan menyebabkan meningkatnya jumlah individu sembuh.



Gambar 6. Pengaruh Parameter θ terhadap dinamika I dan R .

Hal ini menunjukkan bahwa dengan memperbesar tingkat pengobatan/treatment dapat menekan wabah penyebaran COVID-19.

Kesimpulan

Modifikasi model epidemik SIRV stokastik dengan pendekatan rantai markov waktu kontinu menghasilkan sebaran peluang transisi dari banyaknya individu yang terinfeksi. Analisis peluang wabah model epidemik SIRV menghasilkan sebaran peluang terjadinya wabah adalah sebesar 0 ketika $R_0 \leq 1$ dan $(1 - 1/\mathcal{R}_0)^{i_0}$ ketika $\mathcal{R}_0 > 1$. Simulasi numerik menunjukkan dengan meningkatkan vaksinasi sebesar 0,03% dapat menyebabkan berkurangnya jumlah individu rentan dan terinfeksi. Adapun tingkat efektivitas vaksin sebesar 60% cukup efektif mengurangi jumlah individu yang terinfeksi. Selanjutnya pemberian pengobatan/treatment diperlukan sebanyak 8% per hari agar penyebaran COVID-19 dapat menghilang dari populasi.

Referensi

- [1] L. T. Phan *et al.*, "Importation and Human-to-Human Transmission of a Novel Coronavirus in Vietnam," *N. Engl. J. Med.*, vol. 382, no. 9, pp. 872–874, 2020, doi: 10.1056/nejmc2001272.
- [2] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, "Seputaran Pelaksanaan Vaksinasi COVID-19," *Gerakan Masyarakat Hidup Sehat*, 2021.
- [3] A. Bastian, D. S. Heriyana, and S. F. Rodiansyah, "Perbandingan Model SIR (Susceptible, Infectious, Recovered), Exponential Moving Aaverage dan Single Exponential Smoothing pada Peramalan Covid-19," *Infotech J.*, vol. 7, no. 2, pp. 75–82, 2021.
- [4] I. Djakaria and S. E. Saleh, "Covid-19 forecast using Holt-Winters exponential smoothing," *J. Phys. Conf. Ser.*, vol. 1882, no. 1, 2021, doi: 10.1088/1742-6596/1882/1/012033.
- [5] R. Resmawan, A. R. Nuha, and L. Yahya, "Analisis Dinamik Model Transmisi COVID-19 dengan Melibatkan Intervensi Karantina," *Jambura J. Math.*, vol. 3, no. 1, pp. 66–79, Jan. 2021, doi: 10.34312/jjom.v3i1.8699.
- [6] M. Abdy, S. Side, S. Annas, W. Nur, and W. Sanusi, "An SIR epidemic model for COVID-19 spread with fuzzy parameter: the case of Indonesia," *Adv. Differ. Equations*, vol. 2021, no. 1, 2021, doi: 10.1186/s13662-021-03263-6.
- [7] R. Rustan and L. Handayani, "THE OUTBREAK'S MODELING OF CORONAVIRUS (COVID-19) USING THE MODIFIED SEIR MODEL IN INDONESIA," 2020, vol. 5, no. 1, pp. 61–68, 2020.
- [8] C. T. Deressa and G. F. Duressa, "Modeling and optimal control analysis of transmission dynamics of COVID-19: The case of Ethiopia," *Alexandria Eng. J.*, 2020, doi: 10.1016/j.aej.2020.10.004.

- [9] D. Kada, A. Kouidere, O. Balatif, M. Rachik, and E. H. Labriji, "MATHEMATICAL MODELING OF THE SPREAD OF COVID-19 AMONG DIFFERENT AGE GROUPS IN MOROCCO : Optimal Control Approach for Intervention Strategies," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 141, p. 110437, 2020, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110437.
- [10] X. Liu, "A simple, SIR-like but individual-based epidemic model: Application in comparison of COVID-19 in New York City and Wuhan," *Results Phys.*, vol. 20, no. December 2020, p. 103712, 2021, doi: 10.1016/j.rinp.2020.103712.
- [11] M. Lounis and D. K. Bagal, "Estimation of SIR model's parameters of COVID-19 in Algeria," *Bull. Natl. Res. Cent.*, vol. 44, no. 1, 2020, doi: 10.1186/s42269-020-00434-5.
- [12] A. R. Nuha, N. Achmad, and N. 'Ain Supu, "Analisis Model Matematika Penyebaran Covid-19 Dengan Intervensi Vaksinasi Dan Pengobatan," *J. Mat. UNAND*, vol. 10, no. 3, p. 406, 2021, doi: 10.25077/jmu.10.3.406-422.2021.
- [13] S. I. Vinitsky, A. A. Gusev, V. L. Derbov, P. M. Krassovitskiy, F. M. Pen'kov, and G. Chuluunbaatar, "Reduced SIR Model of COVID-19 Pandemic," *Comput. Math. Math. Phys.*, vol. 61, no. 3, pp. 376–387, 2021, doi: 10.1134/S0965542521030155.
- [14] N. Eliska, H. Sumarno, and P. Sianturi, "ANALISIS MODEL EPIDEMIK SVEIR DENGAN CONTINUOUS TIME MARKOV CHAIN (CTMC) PADA PENYAKIT RUBELLA Analysis of SVEIR ' s Epidemic Model with Continuous Time Markov Chain (CTMC)," vol. 15, no. 3, pp. 591–600, 2021.
- [15] A. R. Nuha, P. Sianturi, and H. Sumarno, "A Stochastic Spatial Model of the Spread of Dengue Hemorrhagic Fever," no. 5, pp. 98–104, 2017.
- [16] L. J. S. Allen and G. E. Lahodny Jr, "Extinction Thresholds In Deterministic and Stochastic Epidemic Models," *J. Biol. Dyn.*, vol. 6, no. 2, pp. 590–611, 2012, [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1080/17513758.2012.665502>
- [17] P. Van Den Driessche and J. Watmough, "Reproduction Numbers and Sub-threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission," *Math. Biosci.*, vol. 180, pp. 29–48, 2002.
- [18] John Hopkins University dan Medicine, "Coronavirus Resource Center," 2021. <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>