

Analisis Dinamik dan Eksistensi *Traveling Wave* pada Model Penyebaran Penyakit Covid-19

Chandra Buana¹, Syamsyida Rozi², Gusmanely Z³

^{1,2,3} Program Studi Matematika, Universitas Jambi, Jambi, Indonesia

Jalan Raya Jambi-Muara Bulian Mendalo Indah KM 15 Muaro Jambi, Jambi, Indonesia

Email: chandramath1209@gmail.com

Korespondensi penulis : chandramath1209@gmail.com

Abstrak

Pada akhir tahun 2019, dunia digemparkan dengan munculnya penyakit COVID-19. Penyebaran penyakit COVID-19 pada saat itu berlangsung cukup cepat hingga menyebar ke berbagai negara. Hal tersebut menyebabkan banyak negara-negara yang memberikan batasan perjalanan bagi masyarakatnya dengan tujuan untuk mengurangi penyebaran dari penyakit ini. Batasan perjalanan bagi masyarakat dapat terjadi jika terjadi lonjakan kecepatan penyebaran penyakit, hal tersebut dapat dianalisis lebih awal dengan pemodelan matematika. Penelitian ini bertujuan untuk menemukan struktur kualitatif dari model penyebaran COVID-19 dan menemukan eksistensi *traveling wave* pada model penyebaran COVID-19. Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, diperoleh model PDB dan model PDP pada penyebaran penyakit COVID-19. Model PDB menunjukkan penyakit akan menyebar di dalam populasi yang menyebabkan terjadinya endemik. Model PDP menghasilkan kecepatan minimum penyebaran penyakit COVID-19 sebesar 0,3954599146 km/hari yang artinya dalam satu hari penyakit akan menyebar sejauh 0,3954599146 km.

Kata Kunci: COVID-19, Pemodelan Matematika, *Traveling Wave*.

Abstract

At the end of 2019, the world was shocked by the emergence of the COVID-19 disease. The spread of the COVID-19 disease at that time was fast enough to spread to various countries. This has caused many countries to impose travel restrictions on their citizens with the aim of reducing the spread of this disease. Travel restrictions for the community can occur if there is a spike in the speed of disease spread, this can be analyzed early using mathematical modeling. This study aims to find a qualitative structure of the COVID-19 spread model and find the existence of traveling waves in the COVID-19 spread model. Based on the research that has been done, the ODE model and PDE model for the spread of the COVID-19 disease are obtained. The ODE model shows that the disease will spread in the population which causes an endemic. The PDE model produces a minimum speed of spreading the COVID-19 disease of 0,3954599146 km/day, which means that in one day the disease will spread as far as 0,3954599146 km.

Keywords: COVID-19, Modelling Mathematics, *Traveling Wave*

1. Pendahuluan

Penyebaran penyakit COVID-19 pada akhir tahun 2019 berlangsung cukup cepat hingga menyebar ke berbagai negara. Penyakit ini disebabkan oleh virus *corona* yang berbahaya dan memiliki intensitas penularan yang cukup tinggi. Virus ini menyebabkan lebih dari 1.800 orang tewas dan menginfeksi lebih dari 70.000 orang dalam kurun waktu 50 hari pertama pandemi [1]. Indonesia masuk sebagai peringkat 20 dunia dalam tingkat kasus positif COVID-19 [2]. Virus ini dilaporkan menjadi kelompok virus *corona* baru, sehingga virus ini diberi nama virus *corona* Wuhan atau novel virus *corona* 2019 (2019-mCoV) oleh para peneliti di China namun *International Comminte on Taxonomy of Viruses* (ICTV) menamai virus ini sebagai SARS-CoV-2 dan menamai penyakitnya sebagai penyakit COVID-19 [3]. Munculnya penyakit COVID-19 ini memicu perhatian masyarakat secara global sehingga pada 30 Januari 2020 *World Health Organization* (WHO) menyatakan bahwa COVID-19 sebagai darurat kesehatan masyarakat yang menjadi perhatian Internasional [4]. Penyebaran penyakit COVID-19 saat ini disebabkan oleh migrasi yang dapat meningkatkan penyebaran penyakit karena banyaknya orang-orang yang rentan terhadap penyakit berdatangan dari daerah lain (seperti pengunjung, migrasi ekonomi atau turis), hal tersebut tentu dapat menjadi penyebab berjangkitnya penyakit menular ke daerah yang baru dimasuki. Penyebaran penyakit COVID-19 pada saat itu berlangsung cukup cepat hingga menyebar ke berbagai negara. Hal tersebut menyebabkan banyak negara-negara yang memberikan batasan perjalanan bagi masyarakatnya dengan tujuan untuk mengurangi penyebaran dari penyakit ini. Batasan perjalanan bagi masyarakat dapat terjadi jika terjadi lonjakan kecepatan penyebaran penyakit, hal tersebut dapat dianalisis lebih awal dengan pemodelan matematika.

Pemodelan matematika merupakan salah satu cara untuk merepresentasikan persoalan kompleks ke dalam bentuk matematika. Model matematika merupakan abstraksi, penyederhanaan, dan konstruksi matematika terkait bagian dari kenyataan dan didesain untuk tujuan khusus. Dengan demikian, model matematika harus merepresentasi dari permasalahan yang diteliti [5]. Penyusunan model penyebaran penyakit COVID-19 ini didasari oleh model SEIR yang mengelompokkan individu-individu ke dalam beberapa populasi berdasarkan status kesehatan dari masing-masing populasi. Model SEIR yang digunakan terdiri dari populasi *Susceptible* (S), populasi *Exposed* (E), populasi *Infected* (I) dan populasi *Removed* (R) [6].

Analisis yang dilakukan pada model penyebaran penyakit umumnya membahas perubahan populasi dan mengetahui waktu dari laju perubahan setiap populasi yang mengalami penambahan atau penurunan populasi tanpa memperhatikan kecepatan penyebaran penyakit yang terjadi dari populasi tersebut. Namun, pada permasalahan yang sebenarnya populasi yang menjadi fokus penelitian bisa melakukan penyebaran melebihi ruang lingkup yang biasa diasumsikan hingga saat ini, sehingga terdapat suatu kecepatan dari penyebaran penyakit dalam populasi tersebut. Misalnya, ketika terdapat suatu tempat yang telah dipenuhi oleh suatu populasi, maka populasi itu akan menyebar ke tempat lain, proses penyebaran ini dinamakan proses difusi. Penyebaran yang dimaksud dapat dikatakan sebagai suatu pergerakan dinamis yang dilakukan individu-individu di suatu populasi. Jika individu-individu bergerak secara dinamis, maka pergerakan tersebut akan bergantung pada kecepatan *traveling wave*. Oleh karena itu,

analisis terhadap eksistensi *traveling wave* perlu dilakukan untuk mengetahui penyebaran secara lebih meluas [7].

Beberapa penelitian terdahulu mengenai epidemiologi penyakit COVID-19 yaitu penelitian yang dilakukan oleh Yulida dan Karim (2020), peneliti mengembangkan model SIRD, dengan tujuan untuk menjelaskan implementasi *New Normal* di Borneo sehingga dapat memperkirakan tingkat individu yang terinfeksi, sembuh dan yang mengalami kematian dari COVID-19 dengan menggunakan hasil analisis tingkat kesembuhan meningkat dan tingkat kematian menurun [8]. Penelitian terdahulu yang membahas mengenai *traveling wave* dari suatu model penyebaran penyakit yaitu penelitian yang dilakukan oleh Rozi (2018) dimana penelitian tersebut membahas deskripsi dan analisis penyebaran penyakit Mers melalui sistem reaksi difusi. Penelitian tersebut membahas keberadaan solusi *traveling wave* dan menganalisis kecepatan penyebaran virusnya [9]. Penelitian terdahulu yang membahas mengenai kecepatan penyebaran penyakit oleh Euchalypta et al (2023) dimana penelitian tersebut memberikan hasil kecepatan penyebaran COVID-19.

Analisis eksistensi *traveling wave* dimulai dengan menambahkan persamaan difusi yang merepresentasikan persamaan *traveling wave* ke dalam model penyebaran penyakit yang telah dibentuk. Kemudian titik tetap yang diperoleh dari model dilinierisasi dan terakhir yaitu mencari kecepatan minimum dari sistem yang dibentuk untuk mengetahui ada atau tidaknya *traveling wave* pada penyebaran COVID-19 [10]. Pada penelitian ini dilakukan pengamatan mengenai penyebaran penyakit COVID-19 menggunakan model SEIRS. Penelitian ini juga menekankan analisis dinamik untuk menentukan kestabilan dari sistem dan melakukan analisis eksistensi *traveling wave* yang terjadi untuk mengetahui pergerakan yang terjadi dari suatu populasi.

2. Metode Penelitian

Penelitian ini menitikberatkan pada penyebaran COVID-19 dalam skala nasional, di mana data yang digunakan untuk estimasi parameter merupakan data penyebaran COVID-19 secara keseluruhan dimulai dari munculnya COVID-19 di Indonesia. Model yang digunakan dalam penyebaran COVID-19 adalah model SEIR (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*). Langkah-langkah yang digunakan dalam menyelesaikan permasalahan pada penelitian ini dimulai dari studi literatur, dilanjutkan dengan membuat asumsi, mengkonstruksi model SEIRS, kemudian melakukan analisis dinamik pada model yang dibentuk, dilanjutkan dengan mengkonstruksi model difusi, kemudian melakukan analisis eksistensi *traveling wave* pada model spasial dan diakhiri dengan menyimpulkan hasil penelitian.

Asumsi pembentukan model matematika dari penyebaran penyakit COVID-19 dengan penggunaan vaksinasi adalah sebagai berikut:

1. Virus yang menyebabkan penyakit COVID-19 adalah virus *corona*.
2. Populasi diasumsikan tertutup, artinya tidak ada individu masuk ke dalam populasi atau keluar dari populasi (tidak ada migrasi).
3. Banyak individu yang lahir per waktu sama dengan banyaknya kasus kematian alami dalam populasi per waktu.
4. Setiap individu mempunyai peluang yang sama untuk melakukan kontak dengan individu lain.
5. Setiap individu yang terinfeksi akan masuk ke subpopulasi *exposed*.

6. Individu *exposed* dan *infected* dapat meninggal karena penyakit COVID-19 dan memiliki peluang kematian yang sama.
7. Individu *infected* dan *exposed* dapat sembuh dari penyakit COVID-19.
8. Individu yang sembuh tidak memiliki kekebalan dan dapat terjangkit virus kembali.
9. Populasi tidak memperhatikan penggunaan masker dan penggunaan vaksinasi.
10. Setiap subpopulasi akan terdapat kematian alami.

Penelitian ini mempertimbangkan dua model untuk dianalisis. Model yang akan dianalisis dinamik untuk menentukan struktur kualitatif yaitu model PDB (Persamaan differensial Biasa), sedangkan Model untuk menentukan eksistensi *traveling wave* yaitu model difusi yang melibatkan reaksi kinetik. Bentuk umum model difusi yaitu:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} + f(u) \quad (1)$$

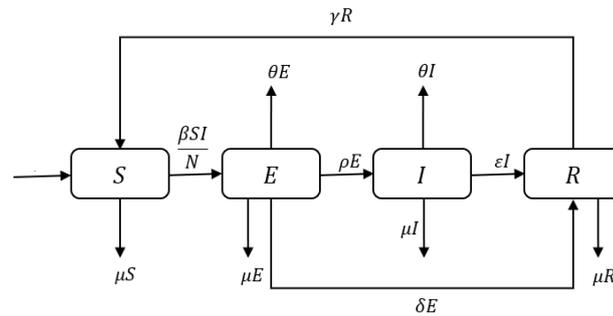
dengan $D \frac{\partial^2 u}{\partial x^2}$ menunjukkan model difusi, $f(u)$ menunjukkan reaksi kinetik dan u tergantung kepada t dan x . Variabel difusi merupakan suatu ukuran perpindahan dari individu dari satu daerah ke daerah lainnya yang memiliki satuan panjang²/waktu [11].

Analisis dinamik untuk menentukan titik keseimbangan dan kestabilan dari model difusi dimulai dengan menganalisis Model PDB nya terlebih dahulu. Titik keseimbangan dari Model PDB merupakan akar-akar dari persamaan yang diperoleh setelah menetapkan fungsi-fungsi di ruas kanan pada sistem bernilai 0. Titik keseimbangan akan stabil jika semua bagian riil dari nilai eigen bernilai negatif dan tidak stabil jika terdapat bagian riil dari nilai eigen bernilai positif [12]. Tahap ini memerlukan nilai R_0 untuk menentukan apakah penyakit COVID-19 akan menjadi endemi atau tidak [13]. Salah satu cara untuk memperoleh nilai R_0 adalah dengan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM) *with large domain* [14]. Jika $R_0 < 1$, maka rata-rata individu terinfeksi menimbulkan kurang dari satu individu terinfeksi baru di area tersebut pada periode infeksi, dan infeksi tidak akan tumbuh. Sebaliknya jika $R_0 > 1$, maka setiap individu terinfeksi akan menimbulkan lebih dari satu infeksi baru, dan penyakit akan mewabah pada area tersebut [15].

Dalam terminologi sistem dinamik, solusi *traveling wave* dari suatu model menghubungkan titik keseimbangan yang bersifat *unstable saddle* ke titik keseimbangan yang stabil. Untuk menginvestigasi kecepatan *traveling wave*, maka matriks Jacobian dari sistem di sekitar titik keseimbangan harus dipastikan memiliki nilai eigen yang semuanya bernilai riil dan minimal terdapat satu nilai eigen bernilai riil positif, sehingga solusi dari sistem menjauhi titik keseimbangan bebas penyakit dengan cara tidak berisolasi [11].

3. Hasil dan Pembahasan

Secara umum penyebaran penyakit COVID-19 pada suatu populasi dapat dideskripsikan dengan menggunakan diagram kompartemen seperti pada **Gambar 1**.



Gambar 1. Diagram kompartemen Penyakit COVID-19

Berdasarkan pada diagram kompartemen Gambar 1 Populasi terbagi menjadi empat kategori, yaitu subpopulasi individu rentan (S), subpopulasi individu *Exposed* (E), subpopulasi individu yang terinfeksi (I) dan subpopulasi individu yang sembuh (R). Penyebaran penyakit COVID-19 dapat dimodelkan secara matematis dalam bentuk sistem persamaan diferensial Nonlinear orde satu sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= A\mu N + \gamma R - \frac{\beta SI}{N} - \mu S \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \rho E - \theta E - \delta E - \mu E \\ \frac{dI}{dt} &= \rho E - \theta I - \epsilon I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \epsilon I + \delta E - \gamma R - \mu R \end{aligned} \quad (2)$$

dengan N menyatakan total populasi pada waktu tertentu yang dinyatakan dengan $N = S + E + I + R$. Berdasarkan model diatas, maka perubahan total populasi adalah:

$$\frac{dN}{dt} = -\theta(E + I)$$

Dengan demikian, total perubahan individu per satuan waktu tidak konstan. Analisis dinamik tentang penyebaran penyakit COVID-19 yang dibahas pada penelitian ini untuk daerah Indonesia sebagai tempat penyebaran COVID-19 menjadi pandemi, oleh karena itu digunakan nilai parameter pada Tabel 1.

Tabel 1. Nilai Parameter

Parameter	Definisi	Nilai
μ	Laju kematian alami	$\frac{1}{65 \cdot 365}$
β	Laju penyebaran penyakit COVID-19 oleh individu terinfeksi	0,1
ρ	Laju transmisi dari individu <i>exposed</i> menjadi individu terinfeksi	$\frac{1}{14}$
ϵ	Laju kesembuhan individu <i>infected</i>	0,001
δ	Laju individu <i>exposed</i> dapat sembuh	0,0006667

γ	Laju hilangnya kekebalan	0,025
θ	Laju kematian akibat COVID-19	0,016
A	Laju rekrutmen karena lahirnya manusia	10000
		<hr/> 65 · 365

Sistem (2) memiliki 2 titik keseimbangan yaitu:

1) Titik keseimbangan bebas penyakit, $T_0 = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0\right)$ yang berarti tidak ada individu yang terinfeksi COVID-19. Titik keseimbangan endemik akan muncul jika nilai *Basic Reproduction Number* R_0 lebih besar dari 1, maka sebelum menentukan kestabilan titik keseimbangan bebas penyakit dan menentukan titik keseimbangan endemik, akan ditentukan nilai R_0 terlebih dahulu. *Basic Reproduction Number* diperoleh dengan pendekatan *Next Generation Matrix* (NGM) *with large dominan*, dengan subsistem infeksi

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \rho E - \theta E - \delta E - \mu E$$

$$\frac{dI}{dt} = \rho E - \theta I - \varepsilon I - \mu I$$

Matriks *Jacobian* dari (2) adalah:

$$J = \begin{pmatrix} -(\rho + \delta + \theta + \mu) & \frac{\beta S}{N} \\ \rho & -(\theta + \varepsilon + \mu) \end{pmatrix}$$

Matriks *Jacobian* di atas dapat ditulis menjadi $F + V = J$, dengan F merupakan matriks transmisi, matriks yang menyatakan laju penularan penyakit, sedangkan V merupakan matriks transisi ialah matriks yang menyatakan laju perpindahan keluar masuk subpopulasi terinfeksi, sehingga:

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta S}{N} \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \text{ dan } V = \begin{pmatrix} -(\theta + \delta + \rho + \mu) & 0 \\ \rho & -(\theta + \varepsilon + \mu) \end{pmatrix}$$

Selanjutnya, akan dicari invers dari V

$$V^{-1} = \frac{1}{(\theta + \delta + \rho + \mu)(\theta + \varepsilon + \mu)} \begin{pmatrix} (\theta + \varepsilon + \mu) & 0 \\ -\rho & (\theta + \delta + \rho + \mu) \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} \frac{1}{(\theta + \delta + \rho + \mu)} & 0 \\ -\frac{\rho}{(\theta + \delta + \rho + \mu)(\theta + \varepsilon + \mu)} & \frac{1}{(\theta + \varepsilon + \mu)} \end{pmatrix}$$

Diperoleh NGM sebagai berikut

$$K_L = -FV^{-1}$$

$$= \begin{pmatrix} \frac{\beta S \rho}{N((\theta + \delta + \rho + \mu)(\theta + \varepsilon + \mu))} & -\frac{\beta S}{(\theta + \varepsilon + \mu)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Pada awal kemunculan penyakit dalam populasi, hampir semua individu rentan terhadap penyakit, sehingga nilai S pada persamaan diatas dapat didekati dengan menggunakan titik keseimbangan S pada saat bebas penyakit. Dengan mensubstitusikan $T_0 = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0\right)$ ke dalam persamaan diatas, maka diperoleh:

$$K_L = \begin{pmatrix} \frac{\beta \rho}{(\theta + \delta + \rho + \mu)(\theta + \varepsilon + \mu)} & -\frac{\beta \left(\frac{A}{\mu}\right)}{(\theta + \varepsilon + \mu)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

dengan $L = (\theta + \delta + \rho + \mu)$ dan $M = (\theta + \varepsilon + \mu)$

Nilai eigen dari matriks K_L ditentukan melalui proses berikut:

$$|\lambda I - K_L| = 0$$

$$\left| \lambda \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \beta\rho & \beta\left(\frac{A}{\mu}\right) \\ LM & 0 \end{pmatrix} \right| = 0$$

$$\lambda \left(\lambda - \frac{\beta\rho}{LM} \right) = 0$$

$$\lambda_1 = 0$$

$$\lambda_2 = \frac{\beta\rho}{LM}$$

Sehingga diperoleh nilai eigen $\lambda_1 = 0$ dan $\lambda_2 = \frac{\beta\rho}{LM}$.

Bilangan reproduksi dasar didefinisikan sebagai spektral radius (nilai eigen terbesar) dari *next generation matrices*, maka diperoleh bilangan reproduksi dasar dari sistem persamaan (2) yaitu:

$$R_0 = \frac{\beta\rho}{LM}$$

dengan $L = (\theta + \delta + \rho + \mu)$ dan $M = (\theta + \varepsilon + \mu)$.

Dengan memperhatikan parameter-parameter yang mempengaruhi nilai R_0 di atas, maka dapat dinyatakan bahwa nilai R_0 dipengaruhi oleh parameter-parameter yang mempengaruhi penularan infeksi. Sehingga R_0 merupakan indikator keendemikan pada subpopulasi.

Dengan melakukan linierisasi Sistem (2) di sekitar T_0 , maka diperoleh nilai eigen:

$$\lambda_1 = -\mu, \lambda_2 = -(\gamma + \mu),$$

$$\lambda_3 = -\frac{1}{2}(2\theta + 2\mu + \varepsilon + \rho + \delta) + \frac{1}{2} \left(\sqrt{(2\theta + 2\mu + \varepsilon + \rho + \delta)^2 + 4((R_0 - 1)(LM))} \right), \text{ dan}$$

$$\lambda_4 = -\frac{1}{2}(2\theta + 2\mu + \varepsilon + \rho + \delta) - \frac{1}{2} \left(\sqrt{(2\theta + 2\mu + \varepsilon + \rho + \delta)^2 + 4((R_0 - 1)(LM))} \right)$$

Dengan demikian, jika $R_0 < 1$, maka titik keseimbangan T_0 bersifat stabil, artinya keadaan populasi lama-kelamaan bebas terhadap infeksi penyakit. Sedangkan jika terdapat $R_0 > 1$, maka titik keseimbangan T_0 bersifat tidak stabil, artinya lama-kelamaan akan terdapat suatu populasi yang tidak bebas terhadap penyakit COVID-19 atau terjadi endemik.

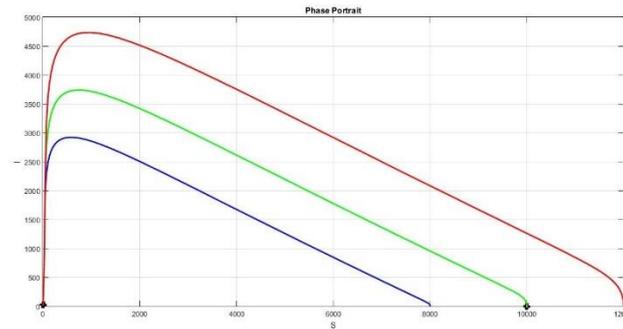
2) Titik Keseimbangan $T_1 = (S^*, E^*, I^*, R^*)$ dengan $S^* = \frac{N(LM)}{\beta\rho}$,

$$E^* = \frac{A(LM(R_0 - 1)(\mu + \gamma)(\rho)(\theta + \varepsilon + \mu)(\mu N))}{\beta\rho(\gamma(\varepsilon\rho - \delta L) + LM(\mu + \gamma))}$$

$$I^* = \frac{A(LM(R_0 - 1)(\mu + \gamma)(\rho)(\mu N))}{\beta(\gamma(\varepsilon\rho - \delta L) + LM(\mu + \gamma))} \text{ dan}$$

$$R^* = \frac{A(LM(R_0 - 1)(\mu + \gamma)(\rho)(\mu N))(\delta(\theta + \varepsilon + \mu) - \varepsilon\rho)}{\beta\rho(\mu + \gamma)(\gamma(\varepsilon\rho - \delta L) + LM(\mu + \gamma))}$$

Berdasarkan nilai parameter pada Tabel 1, yang disubstitusi ke R_0 , maka diperoleh $R_0 = 4,7 > 1$, sehingga terdapat 2 titik keseimbangan. Analisis kestabilan dari titik ekuilibrium endemik T_1 dilakukan secara numerik dengan cara menampilkan *phase portrait* dari Sistem (2) menggunakan nilai parameter yang disajikan pada Tabel 1. *Phase portrait* dari sistem ditampilkan pada bidang S dan I yang ditampilkan pada Gambar 1.



Gambar 2. Phase Portrait Pada Bidang SI

Gambar 2. merupakan *phase portrait* jika $R_0 > 1$. Pada keadaan ini, terdapat 2 titik keseimbangan, yaitu T_0 dan T_1 . Solusi-solusi menjauhi titik keseimbangan, yaitu T_0 dan menuju titik keseimbangan T_1 , sehingga titik keseimbangan T_0 bersifat tidak stabil, sedangkan titik keseimbangan T_1 bersifat stabil. Artinya, pada keadaan ini populasi mengalami endemik terhadap penyakit COVID-19.

Analisis Dinamik dari model SEIRS di atas menjadi langkah awal untuk menganalisis sistem dinamik dari model difusi untuk memperoleh solusi *traveling wave*. Model difusi penyebaran penyakit COVID-19 akan diperhitungkan sebagai hasil dari pergerakan difusi individu *susceptible*, individu *exposed*, individu yang terinfeksi COVID-19 dan individu *recovered*. Akibatnya koefisien difusi ditambahkan pada Model (2), khususnya pada perubahan S, E, I , dan R , dan diperoleh model difusi $S(x, t)$, $E(x, t)$, $I(x, t)$, $R(x, t)$, menyatakan banyaknya populasi pada suatu posisi x dan pada waktu t , sehingga diperoleh model:

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial S}{\partial t} &= D_S \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + A + \gamma R - \frac{\beta SI}{N} - \mu S \\
 \frac{\partial E}{\partial t} &= D_E \frac{\partial^2 E}{\partial x^2} + \frac{\beta SI}{N} - \rho E - \theta E - \delta E - \mu E \\
 \frac{\partial I}{\partial t} &= D_I \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \rho E - \theta I - \varepsilon I - \mu I \\
 \frac{\partial R}{\partial t} &= D_R \frac{\partial^2 R}{\partial x^2} + \varepsilon I + \delta E - \gamma R - \mu R
 \end{aligned} \tag{3}$$

Dengan t mendefinisikan hari, x dalam km, dan D dalam km^2/hari . Diasumsikan semua nilai parameter bernilai positif.

Jika terdapat solusi *traveling wave* pada Sistem (3) maka solusi tersebut akan memenuhi kondisi:

$$(S(x, t), E(x, t), I(x, t), R(x, t)) = (S(z), E(z), I(z), R(z))$$

dengan mendefinisikan $z = x + c.t$, dengan c menyatakan kecepatan gelombang dengan satuan km/hari . Bentuk sistem PDB yang diperoleh dengan mentransformasikan koordinat (x, t) ke koordinat baru z adalah:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dz} &= u_1 \\
 \frac{du_1}{dz} &= \frac{1}{D_S} \left(cu_1 - A - \gamma R + \frac{\beta SI}{N} + \mu S \right) \\
 \frac{dE}{dz} &= u_2 \\
 \frac{du_2}{dz} &= \frac{1}{D_E} \left(cu_2 - \frac{\beta SI}{N} + \rho E + \theta E + \delta E + \mu E \right)
 \end{aligned} \tag{4}$$

$$\frac{dI}{dz} = u_3$$

$$\frac{du_3}{dz} = \frac{1}{D_I}(cu_3 - \rho E + \theta I + \varepsilon I + \mu I)$$

$$\frac{dR}{dz} = u_4$$

$$\frac{du_4}{dz} = \frac{1}{D_R}(cu_4 - \varepsilon I - \delta E + \gamma R + \mu R)$$

Titik keseimbangan bebas penyakit untuk Sistem (4) adalah $T_0^* = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0\right)$ dan titik keseimbangan endemiknya adalah $T_1^* = (S^*, 0, E^*, 0, I^*, 0, R^*, 0)$ dengan S^*, E^*, I^*, R^* merupakan komponen pada titik keseimbangan T_1 pada Model SEIRS (2). Untuk menginvestigasi kecepatan *traveling wave*, maka matriks Jacobian dari sistem di sekitar titik keseimbangan harus dipastikan memiliki nilai eigen yang semuanya bernilai riil dan minimal terdapat satu nilai eigen bernilai riil positif, sehingga solusi dari sistem menjauhi titik keseimbangan bebas penyakit dengan cara tidak berisolasi [11].

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\mu}{D_s} & \frac{c}{D_s} & 0 & 0 & \frac{\beta}{D_s} & 0 & -\frac{\gamma}{D_s} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{L}{D_e} & \frac{c}{D_i} & -\frac{\beta}{D_e} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{\rho}{D_i} & 0 & \frac{M}{D_i} & \frac{c}{D_i} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & -\frac{\delta}{D_R} & 0 & -\frac{\varepsilon}{D_R} & 0 & \frac{\gamma + \mu}{D_R} & \frac{c}{D_R} \end{bmatrix}$$

Dengan memasukkan semua nilai parameter dan mengasumsikan nilai kecepatan c bernilai positif, maka nilai eigen matriks Jacobian tersebut adalah:

$$\lambda_{1,2} = \frac{1}{2} \left(\frac{c}{D_s} \pm \sqrt{c^2 + 4D_s\mu} \right), \quad \lambda_{3,4} = \frac{1}{2} \left(\frac{c}{D_R} \pm \sqrt{c^2 + 4D_R\mu + 4D_R\gamma} \right)$$

$$\lambda_{5,6} = \frac{1}{2} \left(\frac{c}{D_R} \pm \sqrt{c^2 + 2D_I L + 2D_I M + 2D_I \sqrt{L^2 + M^2 + (4LM(1 - R_0))}} \right)$$

$$\lambda_{7,8} = \frac{1}{2} \left(\frac{c}{D_R} \pm \sqrt{c^2 + 2D_I L + 2D_I M - 2D_I \sqrt{L^2 + M^2 + (4LM(1 - R_0))}} \right)$$

Untuk memperoleh solusi yang tidak berisolasi, maka nilai c harus mengakibatkan $\lambda_5, \lambda_6, \lambda_7$ dan λ_8 bernilai riil. Untuk membuat $\lambda_5, \lambda_6, \lambda_7$ dan λ_8 bernilai riil maka kondisi yang harus terpenuhi yaitu:

$$c \geq -2D_I L - 2D_I M + 2D_I \sqrt{L^2 + M^2 + (4LM(1 - R_0))}$$

Batasan nilai c , yang dapat memberikan nilai eigen kompleks atau memberikan nilai eigen riil, atau memberikan solusi yang tidak realistis dan solusi yang realistis, dinyatakan sebagai kecepatan minimum dari penyebaran COVID-19, yaitu:

$$c_{min} = -2D_I L - 2D_I M + 2D_I \sqrt{L^2 + M^2 + (4LM(1 - R_0))} \quad (5)$$

Dengan mensubstitusikan nilai parameter pada Tabel 1 ke Formula (5), maka diperoleh nilai eigen yang semuanya riil dan terdapat nilai eigen riil positif, sehingga titik T_0^* bersifat tidak stabil (*saddle node*), yang artinya solusi dari sistem menjauhi titik T_0^* dan menuju titik T_1^* .

Selanjutnya solusi *traveling wave* dianalisis secara numerik dengan menggunakan metode *Forward Time Center Space* (FTCS), dengan syarat awal:

Jika $x \in [0,75]$, berlaku

$$(S(x, 0), E(x, 0), I(x, 0), R(x, 0)) = T_1$$

dan jika $x \in [75,160]$, berlaku:

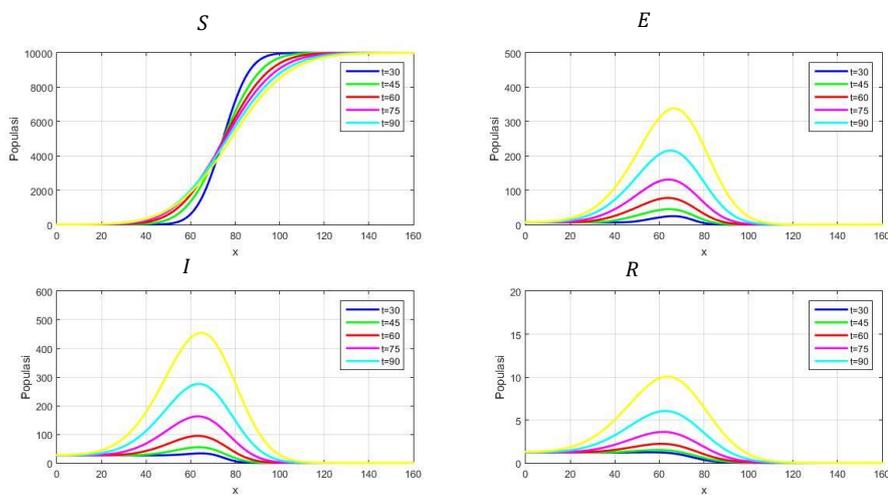
$$(S(x, 0), E(x, 0), I(x, 0), R(x, 0)) = T_0$$

dan untuk syarat batas, digunakan kondisi Neumann, yaitu:

$$\frac{\partial S}{\partial x}(L, t) = \frac{\partial E}{\partial x}(L, t) = \frac{\partial I}{\partial x}(L, t) = \frac{\partial R}{\partial x}(L, t) = 0$$

dengan $L = 0$ dan $L = 160$.

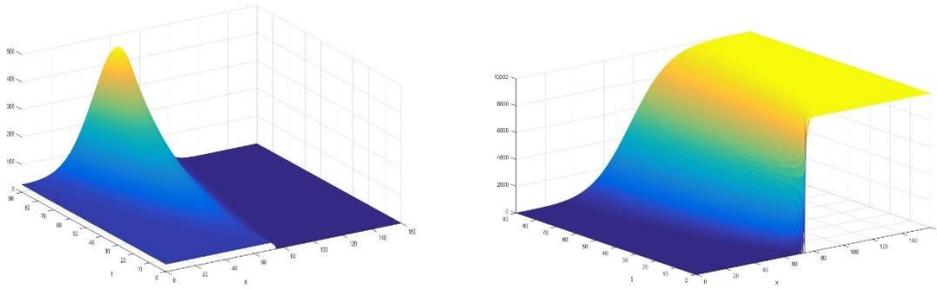
Dengan menggunakan nilai parameter pada Tabel 1, maka solusi *traveling wave* dari sistem ditampilkan sebagai berikut:



Gambar 3. Solusi *Traveling Wave* Pada Setiap Subpopulasi

Gambar 3 merupakan pergerakan gelombang pada masing-masing subpopulasi dengan waktu mulai dari 30 hari sampai 90 hari. Setiap subpopulasi menunjukkan gelombang bergerak dari titik keseimbangan endemik menuju titik keseimbangan bebas penyakit dengan kecepatan yang sama. Solusi *traveling wave* untuk sistem ditampilkan pada Gambar 3 menunjukkan bahwa pada hari ke-45, gelombang berjalan sejauh ± 96 km dan pada hari ke-75, gelombang berjalan sejauh ± 108 km. Akibatnya gelombang penyebaran penyakit COVID-19 berjalan dengan kecepatan $c = \frac{108-96}{75-35} = 0,4$ km/hari.

Hasil yang diperoleh dari penelitian ini berbeda dengan hasil yang diperoleh dari penelitian Euchalypta et al (2023) dimana dalam penelitian ini diperoleh hasil 0,4 km/hari sedangkan pada penelitian tersebut hasil yang diperoleh yaitu 0 km/hari. Untuk lebih jelasnya, pada Gambar 3 akan disajikan Solusi *Traveling Wave* pada subpopulasi S dan I dalam bentuk grafik tiga dimensi.



Gambar 4. Solusi *Traveling Wave* Pada Subpopulasi. Bagian kiri untuk individu *Infected* dan Bagian kanan untuk individu *Susceptible* dengan Grafik Tiga Dimensi

4. Kesimpulan

Berdasarkan model SEIRS pada Sistem (2) dengan memasukkan nilai parameter pada Tabel 1, diperoleh nilai $R_0 = 4,7$ sehingga memiliki dua titik keseimbangan yaitu titik keseimbangan bebas penyakit $T_0(S, E, I, R) = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0\right)$ yang berarti tidak ada individu terinfeksi penyakit atau penyakit tidak menular, dan titik keseimbangan endemik sebesar $T_1(S^*, E^*, I^*, R^*)$ yang bersifat stabil asimtotik lokal, artinya pada waktu yang akan datang dapat terjadi penyebaran penyakit COVID-19 yang dapat menimbulkan endemik. Sistem menunjukkan bahwa terdapat solusi *traveling wave* untuk sistem, dengan kecepatan minimum penyebaran penyakitnya sebesar 0.3954599146 km/hari. Pada penelitian ini diketahui bahwa penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia bersifat endemik yang artinya penyakit akan menyebar di dalam populasi dan akan terjadi pandemi, dan berdasarkan solusi *traveling wave*, kecepatan minimum penyebaran penyakit disebabkan oleh individu *infected* dan individu *exposed*, maka dari itu langkah yang dapat diambil agar penyakit tidak menjadi endemik yaitu dengan mengurangi pergerakan individu *infected* dan *exposed* dalam berpergian. Pada penelitian ini diketahui bahwa penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia bersifat endemik yang artinya penyakit akan menyebar di dalam populasi dan akan terjadi pandemi, dan berdasarkan solusi *traveling wave*, kecepatan minimum penyebaran penyakit disebabkan oleh individu *infected* dan individu *exposed*, maka dari itu langkah yang dapat diambil agar penyakit tidak menjadi endemik yaitu dengan mengurangi pergerakan individu *infected* dan *exposed* dalam berpergian.

Daftar Pustaka

- [1] P. Parthasarathy dan S. Vivikanandan, "An extensive study on the COVID-19 pandemic, an emerging global crisis: Risks, transmission, impact and mitigation," *Journal of Infection and Public Health*, pp. 249-259, 2020.
- [2] WHO, "Coronavirus Disease Dashboard," 9 October 2022. [Online]. Available: <https://covid19.who.int.table>. [Accessed 12 July 2023].
- [3] Shereen, M. A., Khan, S., Kazmi, A., Bashir, N., & Siddique, R. (2020). COVID-19 infection: Emergence, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *Journal of Advanced Research*, 24, 91–98. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jare.2020.03.005>

- [4] Velavan, T. P., & Meyer, C. G. (2020). The COVID-19 epidemic. *Tropical Medicine and International Health*, 278-280.
- [5] H. S. Sanjaya dan S. Suprapti, "Analisis Eksistensi Traveling Wave Front Pada Model Matematika Reassortment Virus Influenza H5N1 dan H1N1," *J. Math and Appl*, vol. 13(2), pp. 45-50, 2016.
- [6] Yong, B., Si, S., Owen, M. S. L., Penelitian, M. S. L., & Pengabdian Kepada Masyarakat, D. (2015). Model Penyebaran Penyakit Menular MERS-CoV: Suatu Langkah Antisipasi Untuk Calon Jamaah Umrah/Haji Indonesia
- [7] M. Z. Ndi, *Pemodelan Matematika Dinamika Populasi dan Penyebaran Penyakit Teori, aplikasi dan Numerik*, Yogyakarta: Deepublish, 2018.
- [8] Yulida Yuni, & Karim, M. A. (2020). Pemodelan Matematika Penyebaran Covid-19 Di Provinsi Kalimantan Selatan. *Open Journal System*, 14(10), 3257–3264.
- [9] Rozi, S. (2018). Deskripsi dan Analisis Penyebaran Penyakit MERS Melalui Sistem Reaksi Difusi. *PYTHAGORAS*, 7(1), 9–20.[9]
- [10] Haqqul, *Analisis Bifurkasi dan Eksistensi Traveling Wave Pada Model Penyebaran Virus Ebola*, Institut Teknologi Sepuluh November, 2017.
- [11] J. D. Murray, *Mathematical Biology I*, New York: Springer, 2002.
- [12] W. E. Boyce dan R. C. DiPrima, *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*, Tenth Edition, John Willey and Sons inc, 2012.
- [13] O. Diekmann dan J. A. P. Heesterbeek, *Mathematically Epidemiology of Infections Disease: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Willy and Sons. Inc, 2000.
- [14] W. E. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek dan M. G. Roberts, "The construction of next generation matrices for compartmental epidemic models," *Journal of the royal Society Interface*, vol. 7(47), pp. 873-885, 2010.
- [15] Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction Numbers And Sub-Threshold Endemic Equilibria For Compartmental Models Of Disease Transmission. ELSEVIER, 1–21. www.elsevier.com/locate/mbs