

LOCAL STABILITY OF THE SEIQR EPIDEMIC MODEL APPLIED TO COVID-19 SPREAD CASES

MUHAFZAN*, INDAH MONIKA, AHMAD IQBAL BAQI, NARWEN, ZULAKMAL

*Departemen Matematika dan Sains Data,
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Andalas,
Kampus UNAND Limau Manis Padang, Indonesia.
email : muhafzan@sci.unand.ac.id, indahmonika.moo@gmail.com, baqi@sci.unand.ac.id,
narwen@sci.unand.ac.id, zulakmal@sci.unand.ac.id*

Diajukan 3 April 2024 Direvisi 24 Januari 2026 Diterima 25 Januari 2026
Diterbitkan 31 Januari 2026

Abstrak. Pandemi COVID-19 telah memberikan dampak signifikan secara global, menuntut pemahaman yang mendalam mengenai dinamika penyebarannya untuk menentukan langkah intervensi yang efektif. Penelitian ini membahas analisis kestabilan model epidemi SEIQR (Susceptible, Exposed, Infectious, Quarantined, Recovered), yang merupakan pengembangan dari model SIR standar dengan penambahan kompartemen karantina (Q) dan masa inkubasi (E). Model ini dirancang untuk merepresentasikan kebijakan isolasi mandiri atau karantina rumah sakit yang diterapkan selama pandemi. Metode yang digunakan dalam penelitian ini meliputi pembentukan sistem persamaan diferensial non-linear, penentuan titik ekuilibrium (bebas penyakit dan endemik), serta perhitungan Bilangan Reproduksi Dasar ($\mathcal{R}_0$) menggunakan metode *Next-Generation Matrix*. Analisis kestabilan lokal dilakukan dengan menggunakan linearisasi di sekitar titik ekuilibrium dan kriteria Routh-Hurwitz. Hasil analisis menunjukkan bahwa penyebaran COVID-19 akan menghilang jika $\mathcal{R}_0 < 1$, yang berarti titik ekuilibrium bebas penyakit bersifat stabil asimtotik. Sebaliknya, jika $\mathcal{R}_0 > 1$, penyakit akan menetap dalam populasi dan mencapai titik ekuilibrium endemik yang stabil. Simulasi numerik disertakan untuk memvalidasi hasil analisis teoritis dan menunjukkan bahwa efektivitas karantina memiliki peran krusial dalam menekan nilai $\mathcal{R}_0$ dan mempercepat laju pemulihan populasi.

Kata Kunci: Kestabilan Model, Covid-19, Stabil Asimtotik

Abstract. The COVID-19 pandemic has had a significant global impact, demanding a profound understanding of its spread dynamics to determine effective intervention measures. This study discusses the stability analysis of the SEIQR (Susceptible, Exposed, Infectious, Quarantined, Recovered) epidemic model, which is an extension of the standard SIR model with the addition of quarantine (Q) and incubation (E) compartments. This model is designed to represent self-isolation or hospital quarantine policies implemented during the pandemic. The methods used in this research include the formulation

*Corresponding author

of a system of non-linear differential equations, the determination of equilibrium points (disease-free and endemic), and the calculation of the Basic Reproduction Number ($\mathcal{R}_0$) using the Next-Generation Matrix method. Local stability analysis is performed through linearization around the equilibrium points and the Routh-Hurwitz criteria. The analysis results show that the spread of COVID-19 will vanish if $\mathcal{R}_0 < 1$, meaning the disease-free equilibrium point is asymptotically stable. Conversely, if $\mathcal{R}_0 > 1$, the disease will persist in the population and reach a stable endemic equilibrium point. Numerical simulations are included to validate the theoretical analysis and demonstrate that the effectiveness of quarantine plays a crucial role in suppressing the $\mathcal{R}_0$ value and accelerating the population recovery rate.

Keywords: Model Stability, Covid-19, Asymptotic Stability

1. Pendahuluan

Pandemi COVID-19 yang disebabkan oleh virus *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2* (SARS-CoV-2) telah menjadi tantangan kesehatan global terbesar pada abad ke-21. Sejak kemunculannya, virus ini menyebar secara eksponensial ke seluruh dunia, mengakibatkan jutaan kasus infeksi dan tekanan berat pada sistem kesehatan nasional.

Karakteristik penyebarannya yang cepat menuntut pemahaman mendalam mengenai dinamika transmisi untuk merumuskan langkah intervensi yang efektif. Pemodelan matematika telah terbukti menjadi instrumen krusial dalam epidemiologi untuk memahami dan memprediksi pola penyebaran penyakit menular. Model dasar SIR (*Susceptible, Infectious, Recovered*) yang diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick telah banyak dimodifikasi untuk mempelajari COVID-19. Sebagai contoh, penelitian oleh Sanchez dkk. [1] menggunakan model SEIR untuk menganalisis dampak masa inkubasi pada awal wabah. Namun, karakteristik unik COVID-19, seperti adanya individu tanpa gejala (asintomatik) dan kebijakan intervensi non-farmasi yang ketat, menuntut pengembangan model yang lebih spesifik. Beberapa peneliti telah mengintegrasikan faktor kontrol ke dalam model mereka. Ghasemi dkk. [2] mengembangkan model kompartemen yang menyertakan intervensi karantina dan isolasi, menunjukkan bahwa langkah-langkah tersebut secara signifikan menurunkan angka reproduksi dasar. Selain itu, model yang melibatkan faktor karantina (Q) telah diteliti oleh beberapa ahli untuk melihat pengaruh pembatasan sosial terhadap laju pemulihan [3,4,5]. Meskipun demikian, analisis mendalam mengenai kestabilan global dan lokal pada model yang menggabungkan masa inkubasi (E) sekaligus karantina (Q) masih memerlukan eksplorasi lebih lanjut, terutama dalam konteks parameter yang sesuai dengan varian terbaru.

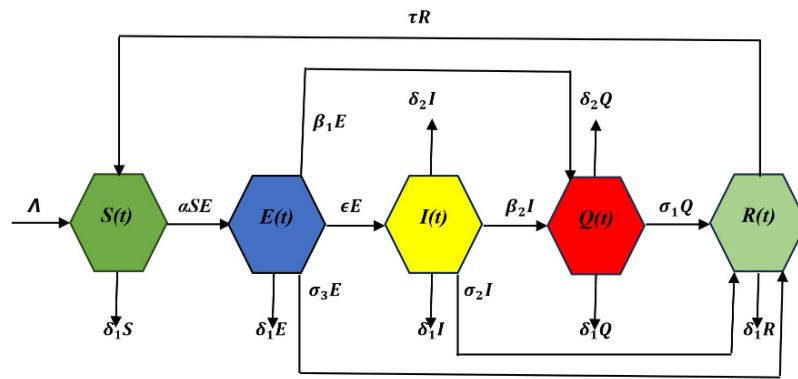
Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini membahas analisis kestabilan model epidemi SEIQR. Model ini merupakan perluasan dengan menambahkan kompartemen *Exposed* (E) untuk mengakomodasi periode laten dan kompartemen *Quarantined* (Q) untuk merepresentasikan individu terinfeksi yang diisolasi. Penambahan variabel Q menjadi sangat relevan mengingat kebijakan isolasi mandiri dan karantina rumah sakit adalah strategi utama yang diterapkan secara global selama pandemi.

Fokus utama dari makalah ini adalah melakukan analisis teoretis terhadap kestabilan model SEIQR. Analisis ini mencakup penentuan Bilangan Repro-

duksi Dasar ($\mathcal{R}_0$) menggunakan metode Next-Generation Matrix. Melalui pemeriksaan titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik menggunakan kriteria Routh-Hurwitz, penelitian ini bertujuan memberikan landasan matematis mengenai pengaruh efektivitas karantina terhadap pengendalian wabah. Akhirnya, simulasi numerik dilakukan untuk memvalidasi hasil analisis teoretis dan memberikan rekomendasi kebijakan berbasis data.

2. Formulasi Model SEIQR

Model dikonstruksi dengan membagi total populasi N menjadi lima kompartemen: Rentan (S), Terpapar/Laten (E), Terinfeksi (I), Karantina (Q), dan Sembuh (R). Hubungan antar kompartemen dan parameter yang mengatur laju perpindahan individu digambarkan dalam diagram alir berikut.



Gambar. 1. Diagram kompartemen model epidemi SEIQR

Berdasarkan diagram tersebut, dinamika populasi ditentukan oleh asumsi-asumsi berikut:

- (1) Laju pertumbuhan populasi baru (kelahiran atau migrasi masuk) direpresentasikan oleh parameter Λ . Individu dalam kompartemen Rentan (S) dapat berpindah ke kompartemen Terpapar (E) setelah melakukan kontak dengan individu yang terinfeksi. Laju transmisi ini dinyatakan dengan αSE , di mana α adalah probabilitas penularan per kontak. Selain itu, individu rentan juga mengalami kematian alami dengan laju $\delta_1 S$.
- (2) Individu dalam kompartemen E adalah mereka yang telah terinfeksi tetapi belum mampu menularkan virus secara maksimal (masa inkubasi). Sebagian dari populasi ini akan menunjukkan gejala dan berpindah menjadi Terinfeksi (I) dengan laju ϵE . Namun, model ini juga mengakomodasi langkah preventif di mana individu terpapar dapat langsung masuk ke kompartemen Karantina (Q) dengan laju $\beta_1 E$ (misalnya melalui tracing). Sebagian kecil individu terpapar juga dapat sembuh secara langsung ke kompartemen R dengan laju $\sigma_3 E$.

- (3) Individu pada kompartemen Terinfeksi (I) adalah agen penularan utama. Mereka dapat berpindah ke kompartemen Karantina (Q) melalui intervensi isolasi atau perawatan medis dengan laju $\beta_2 I$. Selain kematian alami ($\delta_1 I$), individu pada tahap ini juga menghadapi risiko kematian akibat penyakit dengan laju $\delta_2 I$, atau dapat sembuh langsung ke kompartemen R dengan laju $\sigma_2 I$.
- (4) Kompartemen Karantina (Q) menampung individu yang diisolasi sehingga tidak lagi menyebarkan virus ke populasi rentan. Individu dalam karantina ini akan sembuh dan berpindah ke kompartemen R dengan laju $\sigma_1 Q$. Sama halnya dengan kompartemen I , individu di sini memiliki risiko kematian alami ($\delta_1 Q$) dan kematian akibat penyakit ($\delta_2 Q$).
- (5) Individu yang telah sembuh (R) mendapatkan kekebalan sementara. Namun, model ini mengasumsikan bahwa kekebalan tersebut dapat hilang seiring waktu, sehingga individu sembuh dapat kembali menjadi rentan (S) dengan laju τR . Kompartemen ini juga mengalami penyusutan populasi akibat kematian alami dengan laju $\delta_1 R$.

Berdasarkan asumsi dan diagram di atas, model SEIQR penyebaran COVID-19 dinyatakan dalam sistem persamaan diferensial non-linear berikut:

$$\begin{aligned}
 \dot{S} &= \Lambda - \alpha SE - \delta_1 S + \tau R, \\
 \dot{E} &= \alpha SE - (\epsilon + \beta_1 + \sigma_3 + \delta_1)E, \\
 \dot{I} &= \epsilon E - (\beta_2 + \sigma_2 + \delta_1 + \delta_2)I, \\
 \dot{Q} &= \beta_1 E + \beta_2 I - (\sigma_1 + \delta_1 + \delta_2)Q, \\
 \dot{R} &= \sigma_1 Q + \sigma_2 I + \sigma_3 E - (\delta_1 + \tau)R,
 \end{aligned} \tag{2.1}$$

dengan

$$N(t) = S(t) + E(t) + I(t) + Q(t) + R(t), \tag{2.2}$$

dan syarat awal $S(0) \geq 0$, $E(0) \geq 0$, $I(0) \geq 0$, $Q(0) \geq 0$, $R(0) \geq 0$.

Dengan menggunakan Pers. (2.2) diperoleh:

$$\dot{N} = \Lambda - \delta_1 N - \delta_2(I + Q), \tag{2.3}$$

yang menghasilkan:

$$N(t) \leq \left(N(0) - \frac{\Lambda}{\delta_1} \right) e^{-\delta_1 t} + \frac{\Lambda}{\delta_1}. \tag{2.4}$$

Perhatikan bahwa, untuk $t \rightarrow \infty$, (2.4) menghasilkan $0 \leq N(t) \leq \frac{\Lambda}{\delta_1}$. Fakta ini menunjukkan bahwa solusi model (2.1) adalah non negatif dan terbatas.

3. Kestabilan Lokal

3.1. Titik Ekuilibrium dan Bilangan Reproduksi Dasar

Berdasarkan teori sistem dinamik [6], kestabilan lokal merupakan perilaku jangka panjang solusi model (2.1) disekitar titik ekuilibrium. Titik ekuilibrium ditentukan

dengan menetapkan

$$\dot{S} = \dot{E} = \dot{I} = \dot{Q} = \dot{R} = 0. \quad (3.1)$$

Ada dua titik ekuilibrium untuk model (2.1), yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan ekuilibrium endemik penyakit.

Ekuilibrium bebas penyakit, disimbolkan dengan $\mathbb{E}^0 = (S^0, E^0, I^0, Q^0, R^0)$, adalah keadaan dalam suatu model epidemi di mana tidak ada individu terinfeksi di dalam populasi, dengan demikian berlaku $I = 0$. Dengan asumsi ini dan penggunaan (3.1) diperoleh $S^0 = \frac{\Lambda}{\delta_1}$, $E^0 = I^0 = Q^0 = R^0 = 0$, dan sehingga:

$$\mathbb{E}^0 = \left(\frac{\Lambda}{\delta_1}, 0, 0, 0, 0 \right). \quad (3.2)$$

Titik ekuilibrium endemik penyakit, disimbolkan dengan $\mathbb{E}^* = (S^*, E^*, I^*, Q^*, R^*)$, menyatakan keadaan bahwa penyakit tetap ada dalam populasi, sehingga berlaku $I > 0$. Dengan asumsi ini dan penggunaan (3.1) diperoleh

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{b}{\alpha}, \\ E^* &= \frac{cde(\beta_1 b - \Lambda\alpha)}{\alpha(-bcde + \beta_1 c\sigma_1\tau + \beta_2 \epsilon\sigma_1\tau + cd\sigma_3\tau + d\epsilon\sigma_2\tau)}, \\ I^* &= \frac{\delta_1 b - \Lambda\alpha(\epsilon de)}{\alpha(-bcde + \beta_1 c\sigma_1\tau + \beta_2 \epsilon\sigma_1\tau + cd\sigma_3\tau + d\epsilon\sigma_2\tau)}, \\ Q^* &= \frac{e(\delta_1 b - \Lambda\alpha)(\beta_1 c + \beta_2 \epsilon)}{\alpha(-bcde + \beta_1 c\sigma_1\tau + \beta_2 \epsilon\sigma_1\tau + cd\sigma_3\tau + d\epsilon\sigma_2\tau)}, \\ R^* &= \frac{(\delta_1 b - \Lambda\alpha)(\beta_1 c\sigma_1 + \beta_2 \epsilon\sigma_1 + cd\sigma_3 + d\epsilon\sigma_2)}{\alpha(-bcde + \beta_1 c\sigma_1\tau + \beta_2 \epsilon\sigma_1\tau + cd\sigma_3\tau + d\epsilon\sigma_2\tau)}, \end{aligned}$$

dengan:

$$a = \alpha \frac{\Lambda}{\delta_1}, \quad b = \epsilon + \beta_1 + \sigma_3 + \delta_1, \quad c = \sigma_1 + \delta_1 + \delta_2, \quad d = \sigma_1 + \delta_1 + \delta_2, \quad e = \delta_1 + \tau. \quad (3.3)$$

Dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix* [7] pada persamaan sub-populasi yang terinfeksi, yaitu persamaan kedua, ketiga dan keempat dalam model (2.1), diperoleh bilangan reproduksi dasar sebagai berikut:

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\alpha\Lambda}{\delta_1(\epsilon + \beta_1 + \sigma_3 + \delta_1)}. \quad (3.4)$$

Persamaan (3.4) memperlihatkan bahwa semakin tinggi tingkat *tracing* β_1 akan mengakibatkan Bilangan Reproduksi Dasar menurun.

3.2. Analisis Kestabilan Lokal Titik Ekuilibrium Model

3.2.1. Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Dengan menggunakan Teorema Hartman, titik ekuilibrium bebas penyakit adalah stabil asimtotik lokal jika bagian riil dari semua nilai eigen matriks Jacobian $\mathcal{J}_{\mathbb{E}^0}$

adalah negatif [8]. Dengan mudah diperoleh bahwa:

$$\mathcal{J}_{\mathbb{E}^0} = \begin{bmatrix} -\delta_1 & -a & 0 & 0 & \tau \\ 0 & a-b & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon & -c & 0 & 0 \\ 0 & \beta_1 & \beta_2 & -d & 0 \\ 0 & \sigma_3 & \sigma_2 & \sigma_1 & -e \end{bmatrix},$$

yang menghasilkan nilai eigen:

- (i.) $\lambda_1 = a - b$,
- (ii.) $\lambda_2 = -c = -(\beta_2 + \sigma_2 + \delta_1 + \delta_2) < 0$,
- (iii.) $\lambda_3 = -d = -(\sigma_1 + \delta_1 + \delta_2) < 0$,
- (iv.) $\lambda_4 = -\delta_1 < 0$,
- (v.) $\lambda_5 = -e = -(\delta_1 + \tau) < 0$.

Dari (i) diperoleh:

$$\lambda_1 = a - b = \frac{\alpha\Lambda}{\delta_1} - (\epsilon + \beta_1 + \sigma_3 + \delta_1) = \frac{\alpha\Lambda}{\delta_1(\epsilon + \beta_1 + \sigma_3 + \delta_1)} - 1 = \mathfrak{R}_0 - 1. \quad (3.5)$$

Dari (3.5) diperoleh bahwa $\lambda_1 < 0$ jika dan hanya jika $\mathfrak{R}_0 < 1$. Dengan demikian dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik jika dan hanya jika $\mathfrak{R}_0 < 1$.

3.2.2. Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium Endemik

Situasi endemik terjadi jika:

$$I^* = \frac{\delta_1 b - \Lambda\alpha(\epsilon de)}{\alpha(Y - cX)} = \frac{(\mathfrak{R}_0 - 1)(\delta_1 \epsilon X)}{\alpha(cX - Y)} > 0, \quad (3.6)$$

dengan:

$$X = bde, \quad Y = \beta_1 c\sigma_1 \tau + \beta_2 \epsilon\sigma_1 \tau + cd\sigma_3 \tau + d\epsilon\sigma_2 \tau. \quad (3.7)$$

Berdasarkan (3.6) diperoleh bahwa situasi endemik terjadi jika $\mathfrak{R}_0 > 1$ dan $Y < cX$. Matriks Jacobian di titik ekuilibrium endemik penyakit $\mathcal{J}_{\mathbb{E}^*}$ adalah:

$$\mathcal{J}_{\mathbb{E}^*} = \begin{bmatrix} -\alpha E^* - \delta_1 & -\alpha S^* & 0 & 0 & \tau \\ \alpha E^* & \alpha S^* - b & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon & -c & 0 & 0 \\ 0 & \beta_1 & \beta_2 & -d & 0 \\ 0 & \sigma_3 & \sigma_2 & \sigma_1 & -e \end{bmatrix},$$

yang menghasilkan persamaan karakteristik:

$$\lambda^5 + a_1 \lambda^4 + a_2 \lambda^3 + a_3 \lambda^2 + a_4 \lambda + a_5 = 0, \quad (3.8)$$

dengan:

$$\begin{aligned}
a_1 &= -S^*\alpha + E^*\alpha + \delta_1 + (b + c + d + e), \\
a_2 &= (E^*\alpha + \delta_1)(b + c + d + e) - S^*\alpha(\delta_1 + c + d + e) + b(c + d + e) + c(d + e) + de, \\
a_3 &= (E^*\alpha + \delta_1)(bc + bd + be + cd + ce + de) - S^*\alpha\delta_1(c + d + e) \\
&\quad + (-S^*\alpha + b)(cd + ce + de) + cde - E^*\alpha\sigma_3\tau, \\
a_4 &= (E^*\alpha + \delta_1)(bcd + bce + bde + cde) - S^*\alpha\delta_1(cd + ce + de) + cde(-S^*\alpha + b) \\
&\quad - E^*\alpha\tau(\epsilon\sigma_2 + c\sigma_3 + \beta_1\sigma_1 + \delta\sigma_3), \\
a_5 &= (E^*\alpha b + S^*\alpha\delta_1 + \delta_1 b)cde - E^*\alpha\tau(\epsilon\beta_1\sigma_1 + \epsilon d\sigma_2 + c\beta_1\sigma_1 + cd\sigma_3).
\end{aligned}$$

Selanjutnya, dengan menggunakan kriteria *Routh-Hurwitz* [9], bagian riil dari semua akar dari persamaan (3.8) adalah negatif jika dan hanya jika:

$$(C1) \quad a_1 > 0,$$

$$(C2) \quad a_1a_2 - a_3 > 0,$$

$$(C3) \quad a_1a_2a_3 - a_1^2a_4 - a_3^2 + a_5a_1 > 0,$$

$$(C4) \quad a_1a_2a_3a_4 - a_5a_1a_2^2 - a_1^2a_4^2 + 2a_5a_1a_4 - a_3^2a_4 + a_5a_2a_3 - a_5^2 > 0,$$

$$(C5) \quad a_1a_2a_3a_4a_5 - a_5^2a_1a_2^2 - a_5a_1^2a_4^2 + 2a_5^2a_1a_4 - a_5a_3^2a_4 + a_5^2a_2a_3 - a_5^3 > 0.$$

Dari syarat (C1) diperoleh bahwa:

$$\begin{aligned}
a_1 &= S^*\alpha + E^*\alpha + \delta_1 + (b + c + d + e), \\
&= \frac{-(\mathfrak{R}_0 - 1)(\delta_1 bcde)}{-cX + Y} + \delta_1 + c + d + e,
\end{aligned}$$

sehingga diperoleh bahwa titik ekuilibrium endemik adalah stabil asimtotik jika dan hanya jika $\mathfrak{R}_0 > 1$, $Y < cX$ dan syarat (C2) - (C5) terpenuhi.

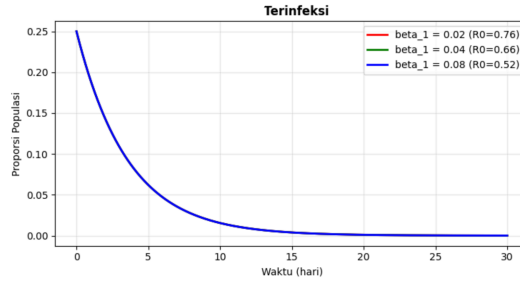
4. Simulasi Numerik

Pada bagian ini disajikan hasil simulasi numerik yang diperoleh berdasarkan model (2.1). Simulasi dilakukan menggunakan aplikasi Python dengan menerapkan metode Runge-Kutta orde empat untuk menganalisis dinamika perubahan setiap subpopulasi pada kedua titik ekuilibrium.

Seluruh nilai parameter dan kondisi awal ditentukan berdasarkan asumsi. Kondisi awal yang digunakan dalam simulasi ini berupa proporsi dengan nilai $S(0) = 0,38$, $E(0) = 0,14$, $I(0) = 0,25$, $Q(0) = 0,17$, dan $R(0) = 0,06$.

Dengan nilai-nilai parameter $\sigma_1 = 0,11624$, $\sigma_2 = 0,099087$, $\sigma_3 = 0,2$, $\epsilon = 0,0007142857143$, $\alpha = 0,1$, $\Lambda = 0,0125$, $\delta_1 = 0,0125$, $\delta_2 = 0,0837$, $\beta_2 = 0,084$, $\tau = 0,0111$, diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit, dengan kurva subpopulasi terinfeksi untuk beberapa nilai parameter β_1 diberikan dalam Gambar 2.

Gambar 2 memperlihatkan semakin besar tingkat tracing β_1 akan mengakibatkan nilai Bilangan Reproduksi Dasar semakin menurun. Selanjutnya, dengan nilai-nilai parameter $\sigma_1 = 0,11624$, $\sigma_2 = 0,099087$, $\sigma_3 = 0,002$, $\epsilon = 0,5$, $\alpha = 0,7$,

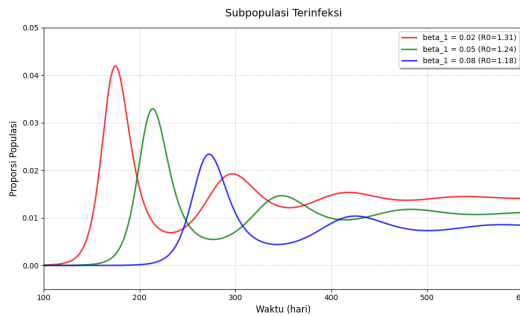


Gambar. 2. Grafik subpopulasi Terinfeksi (I) untuk beberapa parameter β_1 dengan $\mathcal{R}_0 < 1$

$\Lambda = 0,0125$, $\delta_1 = 0,0125$, $\delta_2 = 0,0837$, $\beta_2 = 0,06$, $\tau = 0,0111$, dan syarat awal yang sama seperti di atas, diperoleh titik ekuilibrium berikut.

- (1) $\mathbb{E}^* = (0.7636, 0.0061, \mathbf{0.0143}, 0.0046, 0.0260)$ dan $\mathcal{R}_0 = 1.31$ untuk $\beta_1 = 0.02$,
- (2) $\mathbb{E}^* = (0.7921, 0.0052, \mathbf{0.0122}, 0.0044, 0.0246)$ dan $\mathcal{R}_0 = 1.26$ untuk $\beta_1 = 0.05$,
- (3) $\mathbb{E}^* = (0.8493, 0.0035, \mathbf{0.0083}, 0.0037, 0.0201)$ dan $\mathcal{R}_0 = 1.18$ untuk $\beta_1 = 0.08$.

Hasil simulasi ini memperlihatkan bahwa semakin besar nilai parameter tingkat tracing β_1 akan mengakibatkan nilai bilangan Reproduksi Dasar semakin menurun, sehingga jumlah subpopulasi terinfeksi juga menurun. Grafik solusi subpopulasi Terinfeksi diberikan dalam Gambar 3.



Gambar. 3. Grafik subpopulasi Terinfeksi (I) untuk beberapa parameter β_1 dengan $\mathcal{R}_0 > 1$

5. Kesimpulan

Berdasarkan hasil analisis teoretis dan simulasi numerik pada model epidemi SEIQR untuk penyebaran COVID-19, dapat ditarik beberapa kesimpulan utama sebagai berikut.

Bilangan Reproduksi Dasar ($\mathcal{R}_0$) merupakan parameter kritikal yang menentukan dinamika penyebaran virus. Analisis menunjukkan bahwa jika $\mathcal{R}_0 < 1$, maka titik ekuilibrium bebas penyakit bersifat stabil asimtotik, yang berarti wabah

COVID-19 akan menghilang dari populasi dalam jangka waktu tertentu. Sebaliknya, jika $\mathcal{R}_0 > 1$, penyakit akan menetap dan mencapai titik ekuilibrium endemik yang stabil.

Selanjutnya, penambahan kompartemen karantina (Q) memberikan kontribusi signifikan dalam pengendalian wabah. Peningkatan laju karantina, terutama dari individu yang terpapar (β_1), terbukti secara efektif menurunkan nilai $\mathcal{R}_0$. Hal ini mengonfirmasi bahwa deteksi dini melalui tracing dan isolasi segera bagi individu yang telah terpapar namun belum bergejala sangat penting untuk menekan laju transmisi.

Berikutnya, hasil simulasi numerik menggunakan Python menunjukkan bahwa meskipun penyakit tetap ada dalam populasi ($\mathcal{R}_0 > 1$), intervensi karantina yang ketat mampu menurunkan puncak jumlah individu terinfeksi dan mempercepat waktu pencapaian titik stabil yang lebih rendah.

Daftar Pustaka

- [1] Sanchez, Y. G. Z. Sabir, J. L. G. Guirao, 2020. Design of a nonlinear Sitr fractal model based on the dynamics of a novel coronavirus (COVID-19), *Fractals*, **28**: 2040026
- [2] Ghasemi, S. E., S. Gouran, 2022. Evaluation of COVID-19 pandemic spreading using computational analysis on nonlinear Sitr model, *Mathematical Methods in Applied Sciences*, **45**: 11104 – 11116
- [3] Shah, N.H., A.H. Suhtar dan E.N. Jayswal. 2020. Control Strategies to Curtail Transmission of COVID-19. *International Journal of Mathematics and Mathematical Sciences*. **2020**: 1 –12
- [4] Youssef, H., N. Alghamdi, M. A. Ezzat, A. A. El-Bary dan A. M. Shawky. 2021. Study on the SEIQR Model and Applying the Epidemiological Rates of COVID-19 Epidemic Spread in Saudi Arabia. *Infectious Disease Modelling*. **6**: 678 – 692
- [5] Chen, T.-M., J. Rui, Q.-P. Wang, Z.-Y. Zhao, J.-A. Cui dan L. Yin. 2020. A Mathematical Model for Simulating the Phase-Based Transmissibility of a Novel Coronavirus. *Infectious Diseases of Poverty*. **9**: 1 –8
- [6] Lynch, S., 2007. *Dynamical System With Applications Using Mathematica*. Birkhauser, Boston
- [7] Diekmann, O., J.A.P. Heesterbeek, dan M.G. Roberts. 2010. The Construction of Next Generation Matrices for Compartmental Epidemic Models. *J. R. Soc. Interface*. **7**: 873 – 885
- [8] Perko, L. 2013. *Differential Equations and Dynamical Systems*. Springer Science and Business Media, USA
- [9] Fisher, S.D. 1990. *Complex Variables: Second Edition*. Dover Publications Inc, New York