

EFEK VAKSINASI PADA MODEL *SEAIQR* PENYEBARAN PENYAKIT COVID-19

Kridha Pusawidjayanti^{1§}, Gea Putri Rohmatul Wulan²

¹Departemen Matematika Universitas Negeri Malang [Email:kridha.pusawidjayanti.fmipa@um.ac.id]

²Departemen Matematika Universitas Negeri Malang [Email: gea.putri.1903126@student.um.ac.id]

[§]Corresponding Author

Received 13rd May 2024; Accepted 12th Jun 2024; Published 14th Jun 2024;

Abstrak

Penelitian ini bertujuan untuk menginvestigasi konstruksi model *SEAIQR* dalam konteks penyebaran virus COVID-19 yang melibatkan vaksinasi, serta untuk mengevaluasi efektivitas pemberian vaksinasi dalam mengendalikan penyebaran virus. Model *SEAIQR* menggambarkan kompartemen *Susceptible* (*S*), *Exposed* (*E*), *Asymptomatic* (*A*), *Infectious* (*I*), *Quarantined* (*Q*), dan *Recovered* (*R*) yang merupakan representasi dinamika populasi terhadap infeksi dan intervensi vaksinasi. Metode penelitian melibatkan analisis matematis dan simulasi komputer untuk memodelkan interaksi antara individu dalam populasi serta penyebaran virus COVID-19. Konstruksi model *SEAIQR* melibatkan parameter-parameter yang menggambarkan laju penularan, tingkat vaksinasi, periode inkubasi, dan transisi antar kompartemen. Hasil simulasi menunjukkan bahwa dengan tingkat vaksinasi yang cukup tinggi dan cakupan populasi yang luas, penyebaran virus dapat ditekan secara signifikan. Selain itu, analisis sensitivitas parameter-parameter model mengidentifikasi faktor-faktor kunci yang memengaruhi efektivitas vaksinasi dalam mengurangi jumlah kasus baru dan memperlambat laju penularan. Penelitian ini memberikan wawasan mendalam tentang dinamika penyebaran virus COVID-19 dalam konteks vaksinasi, serta memberikan dasar teoritis untuk perencanaan dan implementasi kebijakan vaksinasi yang efektif dalam mengendalikan pandemi. Temuan ini dapat digunakan sebagai landasan untuk pengembangan model-model prediktif dan strategi intervensi lebih lanjut dalam penanggulangan COVID-19 dan pandemi-pandemi masa depan.

Kata Kunci: pemodelan matematika, covid-19, vaksinasi

Abstract

This study aims to investigate the construction of the SEAIQR model in the context of the spread of the COVID-19 virus involving vaccination, as well as to evaluate the effectiveness of vaccination in controlling the spread of the virus. The SEAIQR model describes the Susceptible (S), Exposed (E), Asymptomatic (A), Infectious (I), Quarantined (Q), and Recovered (R) compartments which represent population dynamics regarding infection and vaccination interventions. The research method involves mathematical analysis and computer simulations to model interactions between individuals in the population and the spread of the COVID-19 virus. The construction of the SEAIQR model involves parameters that describe the transmission rate, vaccination rate, incubation period, and transition between compartments. The simulation results show that with a reasonably high vaccination rate and comprehensive population coverage, the spread of the virus can be suppressed significantly. In addition, sensitivity analysis of model

parameters identified key factors that influence the effectiveness of vaccination in reducing the number of new cases and slowing the transmission rate. This research provides in-depth insight into the dynamics of the spread of the COVID-19 virus in the context of vaccination. It provides a theoretical basis for planning and implementing effective vaccination policies in controlling the pandemic. These findings can be used to develop predictive models and further intervention strategies in dealing with COVID-19 and future pandemics.

Keywords: mathematical modeling, covid-19, vaccination

1. Pendahuluan

Penularan penyakit antara manusia dan hewan disebut dengan penularan secara *zoonosis*, salah satu virus dengan penularan *zoonosis* adalah *coronavirus*. Ada dua macam *coronavirus* yang dapat menularkan penyakit pada manusia yaitu *Middle East Respiratory Syndrome (Mers-Cov)* dan *Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS-Cov)* [14], virus ini diidentifikasi sebagai kelompok radang paru-paru yang diakibatkan oleh *SARS-CoV-2* [5]. Virus ini ditemukan di kota Wuhan, Tiongkok pada bulan Desember 2019 yang dinamakan COVID-19 dan kemudian virus ini menyebar ke seluruh dunia sehingga menjadi pandemi kelima yang terdokumentasi sejak tahun 1918 [5, 19]. Infeksi dari virus ini memicu wabah global yang terus menerus dan membuat ketidakstabilan yang luar biasa dalam kesehatan dunia [2]. Pada tanggal 11 maret 2020 penyakit ini dinyatakan sebagai ‘pandemi besar’ [11]. Model penyebaran penyakit dengan virus COVID-19 dapat menghasilkan model terbaru dengan beberapa gejala-gejala klinis.

Ada 200 negara yang terdampak virus ini, Amerika Serikat terdapat 186.046 yang positif Corona, lalu Italia 105.792 kasus dan Spanyol sebanyak 95.923 kasus dan di Indonesia terdapat

3.512 kasus positif pada 10 April 2020 [15]. Virus ini cukup berbahaya sehingga tidak bisa diabaikan begitu saja, gejala awalnya akan terlihat seperti influenza biasa tetapi bagi kedokteran dunia virus ini cukup berbahaya dan mematikan [12]. Salah satu awal proses penularan penyakit COVID-19 ini adalah batuk, bersin dan kontak langsung dengan orang lain [11]. Pandemi ini memberikan dampak yang besar terhadap dalam kesehatan, kesejahteraan masyarakat dan sosial ekonomi [15]. Segala upaya pengendalian telah dilakukan oleh pemerintah mulai dari *physical distancing*, penggunaan masker, *lockdown*, karantina dan pemberian vaksinasi.

Pemberian vaksinasi dapat mengurangi potensi penularan kepada oranglain sehingga dapat memutus rantai penularan virus, serta dapat melindungi populasi yang rentan terhadap virus seperti lansia, anak-anak, individu dengan penyakit kronis serta bagi individu yang memiliki kekebalan tubuh lemah. Sekitar 4,96 miliar orang di seluruh dunia telah menerima vaksin COVID-19 setidaknya pada dosis pertama, hal ini dapat memberikan efektivitas perlindungan vaksin berkurang seiring berjalannya waktu dan tingkat kekebalan tubuh menurun secara signifikan dalam

beberapa bulan setelah vaksin pertama diberikan [3]

Permasalahan ini dapat dijelaskan dan diselesaikan dengan pemodelan matematika. Pemodelan matematika ini merupakan metode untuk merepresentasikan suatu hal yang kompleks ke dalam bentuk atau model matematis. Beberapa model matematika untuk penyebaran penyakit telah dikaji seperti model *SIS* [6, 16], *SIR* [10], *SEIR* [1]. Sedangkan [7] telah mengkaji model epidemic akibat COVID-19 dengan model *SPEIQR* dimana pada model tersebut mempertimbangkan sub populasi *S* yaitu sub populasi yang rentan terserang virus, *P* yaitu jumlah individu rentan yang tidak terpapar oleh lingkungan, *E* jumlah individu yang terinfeksi tetapi dalam masa inkubasi dan *Q* adalah jumlah populasi yang dikarantina karena terinfeksi.

Berbeda dengan penelitian sebelumnya, kali ini penulis mengkaji model epidemic akibat COVID-19 model *SEAIQR* dengan sub populasi *A* merupakan *Asymptomatic* yaitu jumlah sub populasi terinfeksi tanpa disertai gejala klinis seperti bersin, batuk dan demam tetapi dapat menularkan penyakit kepada oranglain serta dengan memberikan parameter vaksinasi pada model. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui konstruksi model *SEAIQR* dan mengetahui efektifitas pemberian vaksinasi,

2. Landasan Teori

Metode yang digunakan dalam penelitian model matematika *SEAIQR* pada penyebaran COVID-19 yaitu metode kajian teori dengan pendekatan kuantitatif terhadap model *SEAIQR*.

Berikut proses dalam penelitian ini secara sistematis:

1. Mengumpulkan informasi dan mengkaji literatur yang berkaitan dengan pemodelan matematika penyebaran penyakit terutama penyebaran COVID-19 dari beberapa referensi
2. Pemodelan Matematika
 - a. Mengasumsikan variabel dan parameter model *SEAIQR* untuk membentuk dan menganalisis model penyebaran penyakit COVID-19.
 - b. Membangun model *SEAIQR* penyebaran COVID-19.
3. Menentukan titik ekuilibrium model *SEAIQR*
4. Interpretasi hasil analisis model *SEAIQR* dengan bantuan *Maple 2019* dan pengambilan kesimpulan.

Beberapa kajian teori yang digunakan pada penelitian ini adalah

1. Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit Menular

Model penyebaran penyakit seringkali dikaji pada penyakit menular, dengan tujuan agar dapat menekan angka penyebaran virus dan angka kematian. [16] telah mengkaji model penyebaran penyakit dengan dua kompartmen yaitu sub populasi yang rentan (*S*) dan populasi yang terinfeksi (*I*). Virus dapat menularkan penyakit pada sub populasi yang rentan seperti manusia dan hewan sehingga sub populasi rentan berpindah kepada sub populasi terinfeksi. Pada penelitian ini diberikan batasan masalah penularan penyakit hanya pada populasi manusia saja. Untuk model *SIS* ini berarti sub populasi yang telah berpindah dari sub populasi terinfeksi akan menjadi sub

populasi rentan kembali.

2. Sistem Dinamik

Sistem dinamik merupakan sistem di mana kondisi lampau dan saat ini diketahui sehingga dapat memprediksi sistem yang akan datang.

Sistem *autonomous* adalah sistem differensial yang memuat t (waktu) secara implisit. Dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= F_1(S, I, R) \\ \frac{dI}{dt} &= F_2(S, I, R) \\ \frac{dR}{dt} &= F_3(S, I, R)\end{aligned}\quad (1)$$

Terdapat dua macam sistem *autonomous* yaitu *autonomous* linier dan *autonomous* non linier.

3. Titik Keseimbangan

Misalkan diberikan sistem *autonomous* (1) maka untuk mencari titik keseimbangan (S^*, I^*, R^*) adalah

$$\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \text{ dan } \frac{dR}{dt} = 0 \quad (2)$$

Jika titik (S^*, I^*, R^*) yang memenuhi persamaan (2) dapat dinamakan dengan titik kritis/titik keseimbangan, maka fungsi-fungsi konstan $S(t) = S^*, I(t) = I^*, R(t) = R^*$ merupakan penyelesaian dari sistem *autonomous* (1) hal ini dapat dikatakan bahwa penyelesaian yang didapat memiliki hasil yang tetap seiring berubah waktu.

3. Hasil Dan Pembahasan

Pembentukan Model SEAIQR

Model *SEAIQR* membagi populasi manusia menjadi 6 sub populasi yaitu, Sub populasi rentan terhadap penyakit (S), Sub populasi tertular dan dapat menularkan penyakit (E), sub populasi terinfeksi tanpa disertai gejala

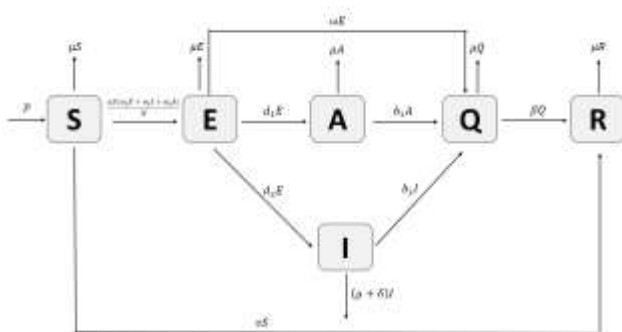
klinis dan dapat menularkan (A), sub populasi terinfeksi disertai gejala klinis dan dapat menularkan penyakit (I), sub populasi yang dikarantina maupun diisolasi karena suatu penyakit (Q) dan sub populasi yang sembuh dari penyakit (R) sehingga kebal terhadap penyakit.

Model ini dibentuk dari model [13] ditambahkan parameter vaksinasi (v), laju perpindahan *Asymptomatic* ke *Quarantine* disimbolkan b_1 , dan laju perpindahan *Infected* ke *Quarantine* disimbolkan b_2 . Berikut beberapa asumsi dan batasan dalam menyusun model *SEAIQR* penyebaran COVID-19:

1. Laju kelahiran alami p hanya ditujukan pada sub populasi *Susceptible* (S). Setiap individu yang baru lahir akan dimasukkan ke dalam sub populasi *Susceptible* (S).
2. Kematian alami terjadi pada seluruh sub populasi dan kematian karena COVID-19 hanya untuk sub populasi *Infected* (I).
3. Adanya interaksi individu pada sub populasi *Susceptible* (S) dengan tiga sub populasi penyebab infeksi yaitu *Exposed* (E), *Asymptomatic* (A), dan *Infected* (I) menjadikan sarana penularan COVID-19.
4. Sub populasi *Exposed* (E) akan ke sub populasi *Asymptomatic* (A) atau sub populasi *Infected* (I).
5. Individu terinfeksi yang berasal dari sub populasi *Asymptomatic* (A) dan *Infected* (I) akan diisolasi, sedangkan sub populasi *Exposed* (E) akan dikarantina. Ketiga sub populasi tersebut akan berpindah ke sub populasi *Quarantine* (Q).

6. Individu pada sub populasi *Quarantine* (Q) akan mengalami pemulihan dan berpindah ke sub populasi *Recovered* (R).
7. Individu yang dinyatakan sehat dari COVID-19 tidak akan kembali terinfeksi. Kekebalan hybrid akan meningkatkan antibodi, mengurangi infeksi, dan meringankan infeksi serta menerapkan protokol kesehatan.
8. Vaksinasi dilakukan untuk sub populasi *Susceptible* (S) agar sub populasi S berpindah ke R , menurut [17] kekebalan *hybrid* merupakan kombinasi infeksi dan vaksinasi akan memberikan pertahanan yang lebih baik pada tubuh.
9. Sub populasi *Asymptomatic* (A) dan *Quarantine* (Q) diasumsikan tidak mati karena COVID-19.

Berdasarkan pemaparan asumsi dan batasan di atas dapat diperoleh diagram transfer penyebaran COVID-19 model *SEAIQR* yang tertera pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram Kompartmen Model *SEAIQR*

Dari beberapa asumsi di atas maka dapat dirumuskan model matematika sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= p - \frac{\alpha S(\sigma_1 E + \sigma_2 I + \sigma_3 A)}{N} - (v + \mu)S \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\alpha S(\sigma_1 E + \sigma_2 I + \sigma_3 A)}{N} - (d_1 + d_2 + \omega + \mu)E \\ \dots(1) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{dA}{dt} &= d_1 E - (b_1 + \mu)A \\ \frac{dI}{dt} &= d_2 E - (b_2 + \mu + \delta)I \\ \frac{dQ}{dt} &= b_1 A + \omega E + b_2 I - (\mu + \beta)Q \\ \frac{dR}{dt} &= vS + \beta Q - \mu R \end{aligned}$$

Di mana $S(0) \geq 0, E(0) \geq 0, A(0) \geq 0, Q \geq (0), I(0) \geq 0, R(0) \geq 0$ dan total populasi dapat dituliskan dengan $N = S + E + A + I + Q + R$. Berturut-turut parameter p, μ, α merupakan laju kelahiran alami, laju kematian alami dan peluang individu terinfeksi. Sedangkan $\sigma_1, \sigma_2, \sigma_3$ merupakan infektifitas individu yang terpapar, infektifitas individu tertular dan infektifitas individu tertular tanpa gejala, d_1, d_2, δ adalah Tingkat evolusi dari terpapar menjadi terinfeksi tanpa gejala klinis, Tingkat evolusi dari terpapar menjadi terinfeksi dengan gejala klinis, laju kematian akibat COVID-19, berikutnya parameter β, b_1, b_2, ω dan v merupakan laju individu yang sembuh, laju perpindahan individu tertular tanpa gejala klinis ke individu karantina, laju perpindahan individu tertular dengan gejala klinis ke individu karantina, laju peralihan individu terpapar ke individu karantina, dan persentase vaksinasi. Variabel R tidak muncul pada persamaan lain, artinya populasi R tidak mempengaruhi yang lain. Maka R sementara dapat diabaikan [8], sehingga dapat ditulis

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= p - \frac{\alpha S(\sigma_1 E + \sigma_2 I + \sigma_3 A)}{N} - (v + \mu)S \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\alpha S(\sigma_1 E + \sigma_2 I + \sigma_3 A)}{N} - (d_1 + d_2 + \omega + \mu)E \\ \frac{dA}{dt} &= d_1 E - (b_1 + \mu)A \\ \dots(2) \end{aligned}$$

$$\frac{dI}{dt} = d_2E - (b_2 + \mu + \delta)I$$

$$\frac{dQ}{dt} = b_1A + \omega E + b_2I - (\mu + \beta)Q$$

Titik Ekuilibrium (Titik Kesetimbangan)

Titik ekuilibrium dapat diselesaikan menggunakan metode *nullclines* yaitu membuat persamaan pada sistem (2) sama dengan nol, atau dapat dituliskan $\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dE}{dt} = 0, \frac{dA}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \frac{dQ}{dt} = 0$ [18]. Sehingga diperoleh dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium non endemik dan titik endemik.

Titik ekuilibrium non endemik terjadi saat tidak ada penyebaran penyakit dalam populasi yaitu saat $E = A = I = 0$. Dapat dikatakan bahwa penyakit akan menghilang [9]. Diperoleh titik ekuilibrium non endemik dan endemic sebagai berikut:

1. Titik ekuilibrium non endemik

$$E_0 = (S, E, A, I, Q) = \left(\frac{p}{(v + \mu)}, 0, 0, 0, 0 \right)$$

Titik ekuilibrium non endemik (E_0) menyatakan bahwa tidak ada penyebaran penyakit di dalam suatu populasi. Nilai sub populasi *Susceptible* (S) pada E_0 artinya jumlah populasi rentan ketika setimbang yaitu $\frac{\pi}{(v + \mu)}$. Untuk *Exposed* (E), *Asymptomatic* (A), *Infected* (I), dan *Quarantine* (Q) pada E_0 berarti bahwa jumlah populasi ketika setimbang yaitu sama dengan nol [4].

2. Titik ekuilibrium endemik

Titik ekuilibrium endemik terjadi ketika $E > 0, A > 0$ dan $I > 0$ [9], sehingga didapatkan titik ekuilibrium endemik sebagai berikut.

$$E_1 = (S^*, E^*, A^*, I^*, Q^*) = \left(U, V, W, X, \frac{b_1W + \omega V + b_2X}{(\mu + \beta)} \right)$$

dengan

$$U = \frac{d_2N(b_1 + \mu)(d_1 + d_2 + \omega + \mu)(b_2 + \mu + \delta)d_2(b_1 + \mu)}{\alpha d_2(\sigma_1(b_2 + \mu + \delta)(b_1 + \mu) + \sigma_2 d_2(b_1 + \mu) + \sigma_3 d_1(b_2 + \mu + \delta))}$$

$$V = \frac{(b_2 + \mu + \delta)X}{d_2}$$

$$W = \frac{(b_2 + \mu + \delta)d_1X}{d_2(b_1 + \mu)}$$

$$X = \frac{(p - (v + \mu)U)(d_2N(b_1 + \mu))}{\alpha U(\sigma_1(b_2 + \mu + \delta)(b_1 + \mu) + \sigma_2 d_2(b_1 + \mu) + \sigma_3 d_1(b_2 + \mu + \delta))}$$

Titik ekuilibrium endemik (E_1)

menyatakan bahwa penyebaran penyakit tetap ada pada suatu populasi.

Simulasi model

Simulasi model *SEAIQR* pada penyebaran COVID-19 dilakukan dengan bantuan *Maple* 2019. Simulasi dilakukan dengan cara menyubstitusikan nilai awal variabel dan nilai parameter pada Tabel 1 dan 2 sebagai berikut:

Tabel 1. Pemberian Nilai awal

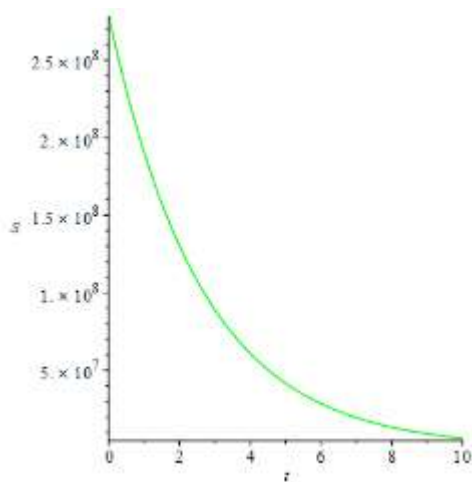
| Variabel | Nilai (Dalam Jutaan) |
|----------|----------------------------|
| $S(0)$ | 278,7 |
| $E(0)$ | 6,75 |
| $A(0)$ | 6,74 |
| $I(0)$ | 6,75 |
| $Q(0)$ | $5,41 \times 10^{-3}$ |

Tabel 2. Nilai Parameter

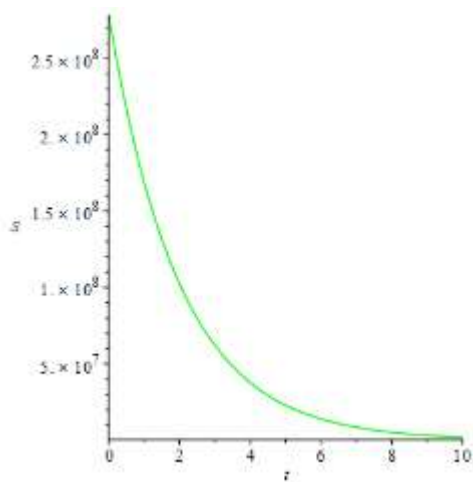
| Parameter | Nilai |
|------------|----------------------|
| p | 10.590 |
| μ | $3,8 \times 10^{-5}$ |
| α | $1,4 \times 10^{-7}$ |
| σ_1 | 9×10^{-2} |
| σ_2 | 5×10^{-2} |
| σ_3 | 7×10^{-2} |
| θ_1 | $8,2 \times 10^{-2}$ |

| | |
|------------|----------------------|
| θ_2 | $1,1 \times 10^{-1}$ |
| δ | $2,4 \times 10^{-2}$ |
| β | 0,1 |
| b_1 | 0,2 |
| b_2 | 0,08 |
| ω | 0,1 |

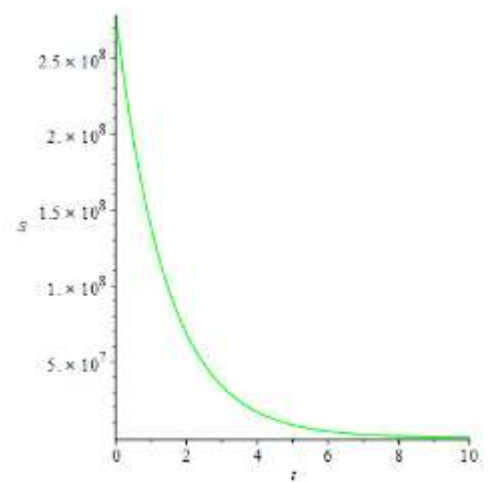
Simulasi model *SEAIQR* dengan variasi nilai parameter ν untuk mengetahui keefektifan vaksinasi yang diberikan dan untuk mengetahui penurunan signifikan penyebaran virus COVID-19. Variasi nilai parameter vaksin dapat dilihat pada tabel berikut:



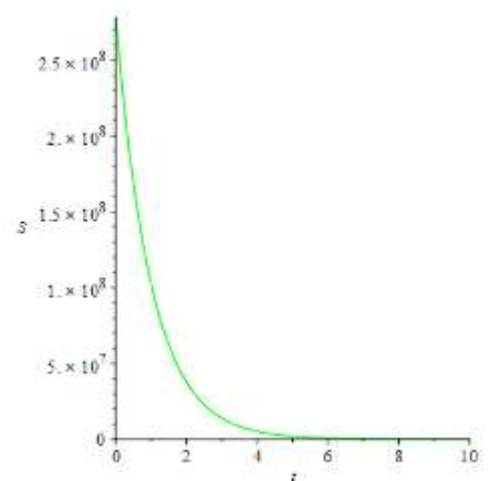
Gambar 3. Simulasi Model dengan $\nu = 0.38$



Gambar 2. Simulasi Model dengan $\nu = 0.5$



Gambar 3. Simulasi Model dengan $\nu = 0.7$



Gambar 5. Simulasi Model dengan $\nu = 1$

Gambar di atas memberikan beberapa variasi nilai parameter vaksinasi, pada gambar 2 terlihat bahwa sub populasi *Susceptible* (S) akan stabil asimtotik lokal dengan populasi sekitar 27.865 pada waktu tertentu dengan vaksinasi (ν) = 0,38. Sedangkan untuk Gambar 3 menunjukkan bahwa sub populasi *Susceptible* (S) akan stabil asimtotik lokal dengan populasi sekitar 21.178 pada waktu tertentu dengan vaksinasi (ν) = 0,5. Nilai parameter pada Gambar 3 merupakan asumsi sebagai pembanding hasil sebelumnya.

Gambar 4 dan 5 menunjukkan bahwa sub populasi *Susceptible* (S) akan stabil asimtotik lokal

dengan populasi sekitar 15.127 dan 10.589 pada waktu tertentu dengan vaksinasi (v) = 0,7 dan vaksinasi (v) = 1. Sehingga, dapat disimpulkan bahwa nilai parameter v yang lebih besar dari pemberian vaksin awal akan mempengaruhi titik ekuilibrium non endemik pada sub populasi *Susceptible* (S) semakin cepat. Jika persentase vaksinasi semakin tinggi, maka titik ekuilibrium non endemik sub populasi *Susceptible* (S) semakin rendah dan waktu yang diperlukan untuk pembentukan antibodi lebih cepat. Hal ini mengakibatkan faktor vaksinasi dapat menekan jumlah individu rentan sehingga akan membentuk kelompok dengan antibodi tinggi yang dapat menurunkan penularan penyakit COVID-19 lebih cepat.

4. Kesimpulan Dan Saran

Model *SEAIQR* merupakan model penyebaran virus COVID-19 dengan penambahan sub populasi terinfeksi tanpa gejala (*Asymtomatic*). Model ini terdapat 6 sub populasi dan terdiri dari 14 parameter. Pemberian variasi parameter vaksinasi dapat mempengaruhi penekanan penularan virus, semakin besar dan *massive* pemberian vaksin maka akan semakin cepat pula menurunkan penularan penyakit COVID-19.

Saran untuk peneliti selanjutnya adalah dapat menganalisis kestabilan pada setiap titik ekuilibrium endemik dan non endemik serta menganalisis bilangan reproduksi dasar pada model *SEAIQR*.

5. Ucapan Terima Kasih

Daftar Pustaka

- [1] Adil El Alami Laaroussi, Amine El Bhih, Mostafa Rachik. Optimal Vaccination and Treatment Policies with Constrained Inequalities To Study Limited Vaccination Resources For A Multistrain Reaction-Diffusion SEIR Model of COVID-19. *Partial Differential Equations in Applied Mathematics* 10 (2024) 100684. <https://doi.org/10.1016/j.padiff.2024.100684>
- [2] A.M. Mishra, S.D. Purobit, K.M. Owolabi, Y.D. Sharma. A nonlinear epidemiological Model Considering Asymptotic and quarantine Classes for SARS CoV-2 Virus. *Chaos, Solitons and Fractals* 138 (2020) 109953. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109953>
- [3] Dagne D. Dinagde, Bekam D. Degefa, Gemeda W. Kitil, Gizu T. Feyisa, Shambel N. Marami. SARS-CoV-2 Infection After COVID-19 Vaccinations Among Vaccinated Individuals, Prevention Rate of COVID-19 Vaccination: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Heliyon*. 10 (2024) e30609. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e30609>
- [4] Disviana, S., Wiraningsih, E. D., & Hadi, I. Analisis Kestabilan Pemodelan Matematika Penyebaran COVID-19 dengan Adanya Individu Carrier dan Pengaruh Isolasi di DKI Jakarta. *Jurnal EurekaMatika* 9 (2)(2021) 167-176.
- [5] Evans O. Omorogie, Kolade M. Owolabi, Bola T. Olabode. A Non-Linear Deterministic Mathematical Model for Investigating the Population Dynamics of Covid-19 in the Presence of Vaccination. *Healthcare Analytics* 5 (2024) 100328. <https://doi.org/10.1016/j.health.2024.100328>
- [6] Ge You, Shangqian Gan, Hao Guo, Abd Alwahed Dagestani. Public Opinion Spread and Guidance Strategy under COVID-19: A SIS Model Analysis. *Axioms* (2022), 11, 296. <https://doi.org/10.3390/axioms11060296>
- [7] Guojian Ren, Yongguang Yu, Weiyi Xu, Feifan Li, Jiawei Wu. A fractional

- stochastic SPEIQR epidemic model in switching network for COVID-19. *Chinese Journal of Physics* 89 (2024) 290-301. <https://doi.org/10.1016/j.cjph.2024.03.001>
- [8] Manaqib, M., Azizah, M., Hartati S., E., Pratiwi, S., & Maulana, R. A. (2021). Analisis Model Matematika Penyebaran Penyakit Covid-19 Dengan Lockdown Dan Karantina. *BAREKENG: Jurnal Ilmu Matematika Dan Terapan*, (2021) 15(3), 479–492. <https://doi.org/10.30598/barekengvol15iss3pp479-492>
- [9] Manaqib, M., Fauziah, I., & Hartati, E. Model Matematika Penyebaran COVID-19 dengan Penggunaan Masker Kesehatan dan Karantina. *Jambura Journal of Biomathematics (JJBm)*, (2021), 2(2), 68–79. <https://doi.org/10.34312/jjbm.v2i2.10483>
- [10] Mostak Ahmed, Md. Abdullah Bin Masud, Md. Manirul Alam Sarker. Bifurcation Analysis and Optimal Control of Discrete SIR Model for Covid-19. *Chaos, Solitons and Fractals* 174 (2023) 113899. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2023.113899>
- [11] Parvaiz A. Naik, Muhammad Farman, Anum Zehra, Kottakkaran S. Nisar, Evren Hincal. Analysis and Modeling with Fractal-Fractional Operator for An Epidemic Model with Reference to COVID-19 Modeling. *Partial Differential Equations in Applied Mathematics* 10 (2024) 100663. <https://doi.org/10.1016/j.padiff.2024.100663>
- [12] Rahmawati Aulia, Ririn A. Sazlin, Liana Ismayani, Mamam Sukiman, Habib R. Perwira Negara, Kiki R.A. Kurniawati. Implementasi Interpolasi Newton Gregory Pada Model Matematika Penyebaran Virus Corona di Indonesia. *Jurnal Pemikiran dan Penelitian Pendidikan Matematika*. Vol 3 No. 1. (2020). Hal 01-16.
- [13] Resmawan, R., Nuha, A. R., & Yahya, L. Analisis Dinamik Model Transmisi COVID-19 dengan Melibatkan Intervensi Karantina. *Jambura Journal of Mathematics*, (2021) 3(1), 66–79. <https://doi.org/10.34312/jjom.v3i1.8699>
- [14] Resmawan, Lailany Yahya, Revandi S. Pakaya, Hasan S, Paniogoro dan Agusyarif Rezka Nuha. Analisis Dinamik Model Penyebaran COVID-19 dengan Vaksinasi. *Jambura Journal of Biomathematics*, (2022) Volume 3, Issue 1, Pages 29-38. <https://doi.org/10.34312/jjbm.v3i1.13176>
- [15] Salma M. Ilpaj, Nunung Nurwati. Analisis Pengaruh Tingkat Kematian Akibat Covid-19 Terhadap Kesehatan Mental Masyarakat Di Indonesia. *Jurnal pekerjaan Sosial*. ISSN: 2620-3367. Vol. 3 No. 1 Hal 16-28 (2020).
- [16] Slavi G. Georgiev, Lubin G. Vulkov. Coefficient identification in a SIS Fractional-Order Modelling of Economic Losses in the propagation of Covid-19. *Journal of Computational Science* 69 (2023) 102007. <https://doi.org/10.1016/j.jocs.2023.102007>
- [17] The Lancet Infectious Diseases. Why Hybrid Immunity is So Triggering. *The Lancet Infectious Diseases*, (2022). 22(12), 1649. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(22\)00746-0](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(22)00746-0)
- [18] Wiggins, S. (2003). *Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos*. Springer: New York
- [19] Yen-Chin Liu, Rei-Lin Kuo, Shin-Ru Shih. 2020. Covid-19: The First Documented Coronavirus Pandemic in History. *Biomedical Journal*. Volume 43 Issue 4, pages 328-333. <https://doi.org/10.1016/j.bj.2020.04.007>