



**MODEL EPIDEMI MULTI STRAIN DENGAN PENGARUH
VAKSINASI**

SKRIPSI

**untuk memenuhi persyaratan
dalam menyelesaikan program sarjana Strata-1 Matematika**

**Oleh:
ARRIFQI TRI NURDILA
NIM. 2211011310012**

**JURUSAN MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS LAMBUNG MANGKURAT
BANJARBARU
2026**

HALAMAN PENGESAHAN

SKRIPSI

MODEL EPIDEMI MULTI STRAIN DENGAN PENGARUH VAKSINASI

Oleh:

ARRIFQI TRI NURDILA

2211011310012

telah dipertahankan di depan Dosen Penguji pada tanggal 09 Juli 2026
Susunan Dosen Penguji:

Pembimbing I



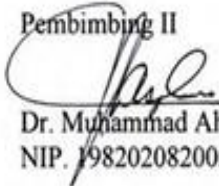
Dr. Yuni Yulida, S.Si., M.Sc.
NIP. 198110102005012004

Dosen Penguji:

1. Dr. Pardi Affandi, S.Si., M.Sc., CIT. I
2. Oni Soesanto, S.Si., M.Si.



Pembimbing II



Dr. Muhammad Ahsar K, S.Si., M.Sc.
NIP. 198202082005011003



PERNYATAAN

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu Perguruan Tinggi dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis diacu dalam naskah ini disebutkan dalam Daftar Pustaka.

Banjarbaru, 17 Juli 2026



Arrifqi Tri Nurdila
NIM. 2211011310012

ABSTRAK

MODEL EPIDEMI MULTI STRAIN DENGAN PENGARUH VAKSINASI

(Oleh: Arrifqi Tri Nurdila; Pembimbing: Yuni Yulida, Muhammad Ahsar Karim ; 2026; 130 halaman)

Penyakit menular dengan lebih dari satu strain virus merupakan permasalahan epidemiologi yang kompleks, terutama ketika efektivitas vaksin hanya terbatas pada strain tertentu. Kondisi ini menyebabkan individu yang telah divaksinasi atau sembuh dari satu strain tetap berpotensi terinfeksi oleh strain lainnya, sehingga dinamika penyebaran penyakit menjadi lebih rumit. Oleh karena itu, diperlukan model matematika yang mampu menggambarkan penyebaran penyakit dengan mempertimbangkan pengaruh vaksinasi. Penelitian ini bertujuan untuk membentuk dan menganalisis model epidemi SVIR (*Susceptible, Vaccinated, Infected, Recovered*) dengan dua strain virus, serta mengkaji kestabilan titik ekuilibrium dan pengaruh parameter model terhadap bilangan reproduksi dasar. Model diformulasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinier yang membagi populasi ke dalam enam kompartemen, yaitu individu rentan, divaksinasi, terinfeksi strain pertama, sembuh dari strain pertama, terinfeksi strain kedua, dan sembuh dari strain kedua. Metode penelitian yang digunakan dalam penelitian ini adalah pemodelan matematika dengan pendekatan sistem persamaan diferensial nonlinier, yang meliputi penentuan titik ekuilibrium, perhitungan bilangan reproduksi dasar menggunakan metode *Next Generation Matrix*, analisis kestabilan lokal melalui linearisasi sistem, Matriks Jacobian, dan Kriteria Routh-Hurwitz, analisis sensitivitas terhadap ($\mathcal{R}_0$), serta melakukan simulasi numerik. Diperoleh hasil penelitian bahwa kestabilan titik ekuilibrium bergantung pada nilai bilangan reproduksi dasar. Jika bilangan reproduksi dasar kurang dari satu, maka penyakit akan menghilang dari populasi, sedangkan jika nilainya lebih dari satu, penyakit dapat bertahan dan menjadi endemik. Analisis sensitivitas menunjukkan bahwa laju penularan merupakan parameter yang paling berpengaruh terhadap perubahan bilangan reproduksi dasar. Selanjutnya, simulasi numerik menggunakan metode Runge-Kutta orde empat dilakukan untuk menunjukkan solusi numerik dan mendukung penjelasan pada analisis kestabilan model.

Kata kunci: Penyakit Menular, Model SVIR, multi-strain, Titik Ekuilibrium, Analisis Kestabilan, Analisis Sensitivitas.

ABSTRACT

A MULTI-STRAIN EPIDEMIC MODEL WITH VACCINATION EFFECTS

(By: Arrifqi Tri Nurdila; Supervisor: Yuni Yulida, Muhammad Ahsar Karim ; 2026; 130 pages)

Infectious diseases involving more than one viral strain are complex epidemiological problems, particularly when vaccine effectiveness is limited to certain strains. This condition causes vaccinated individuals or individuals who have recovered from one strain to remain potentially susceptible to infection by another strain, making the dynamics of disease transmission more complicated. Therefore, a mathematical model is needed to describe the spread of infectious diseases while considering the effect of vaccination. This study aims to construct and analyze an SVIR (Susceptible, Vaccinated, Infected, Recovered) epidemic model with two viral strains, as well as to examine the stability of equilibrium points and the influence of model parameters on the basic reproduction number. The model is formulated as a system of nonlinear differential equations that divides the population into six compartments, namely susceptible individuals, vaccinated individuals, individuals infected with the first strain, individuals recovered from the first strain, individuals infected with the second strain, and individuals recovered from the second strain. The research method used in this study is mathematical modeling with a nonlinear differential equation system approach, which includes determining equilibrium points, calculating the basic reproduction number using the Next Generation Matrix method, analyzing local stability through system linearization, the Jacobian matrix, and the Routh-Hurwitz criterion, conducting sensitivity analysis of $\mathcal{R}_0$, and performing numerical simulations. The results show that the stability of the equilibrium points depends on the value of the basic reproduction number. If the basic reproduction number is less than one, the disease will disappear from the population; whereas if it is greater than one, the disease can persist and become endemic. The sensitivity analysis shows that the transmission rate is the most influential parameter affecting changes in the basic reproduction number. Furthermore, numerical simulations using the fourth-order Runge-Kutta method indicate that the numerical solutions support and confirm the results of the model stability analysis.

Keywords: *Infectious disease, SVIR model, , equilibrium point, stability analysis, sensitivity analysis.*

PRAKATA

Segala puji dan syukur penulis panjatkan ke hadirat Allah *subhanahu wa ta'ala*, Tuhan Yang Maha Esa, atas limpahan berkah, rahmat, karunia, serta hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul **“MODEL EPIDEMI MULTI STRAIN DENGAN PENGARUH VAKSINASI”**. Salawat serta salam semoga senantiasa tercurah kepada junjungan Nabi Muhammad *shallallahu 'alaihi wasallam*, beserta keluarga, sahabat, dan para pengikut beliau hingga akhir zaman.

Skripsi ini disusun sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Strata-1 pada Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lambung Mangkurat. Penulis menyadari bahwa dalam penyusunan skripsi ini masih terdapat berbagai keterbatasan dan kekurangan, baik dari segi penulisan maupun pembahasan materi. Hal tersebut tidak terlepas dari keterbatasan pengetahuan, kemampuan, serta pengalaman penulis. Oleh karena itu, dengan penuh kerendahan hati, penulis mengucapkan terima kasih kepada pihak-pihak yang telah memberikan bantuan, dukungan, dan bimbingan selama proses penyusunan skripsi ini, yaitu:

1. Bapak Prof. Drs. Abdul Gafur, M.Si., M.Sc., Ph.D. selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Lambung Mangkurat.
2. Ibu Dr. Na'imah Hijriati, S.Si., M.Sc. selaku Ketua Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Lambung Mangkurat.
3. Ibu Dr. Yuni Yulida, S.Si., M.Sc. dan Bapak Dr. Muhammad Ahsar Karim, S.Si., M.Sc. selaku Dosen pembimbing penulis yang senantiasa memberikan bimbingan, arahan, serta masukan yang sangat berharga dalam proses penulisan skripsi ini.
4. Bapak Dr. Pardi Affandi, S.Si., M.Sc., CIT. dan Bapak Oni Soesanto, S.Si., M.Si. selaku Dosen penguji atas segala saran, kritik, dan masukan yang telah diberikan selama proses penulisan skripsi ini.

5. Bapak Dr. Muhammad Ahsar Karim, S.Si., M.Sc. selaku Dosen Pembimbing Akademik atas segala arahan dan bimbingan selama penulis menempuh pendidikan di Jurusan Matematika FMIPA ULM.
6. Seluruh dosen pengajar/staf Jurusan Matematika yang telah memberikan bantuan, bimbingan, motivasi, dan ilmu yang sangat bermanfaat selama masa perkuliahan.
7. Seluruh teman-teman Mahasiswa Jurusan Matematika FMIPA ULM terutama “Matrix New Era” Angkatan 2022 yang telah membantu penulis selama masa perkuliahan.

Penulis telah berupaya semaksimal mungkin dalam menyusun skripsi ini, namun penulis menyadari masih terdapat kekurangan. Oleh karena itu, penulis sangat mengharapkan kritik dan saran yang bersifat membangun sebagai bahan perbaikan di masa yang akan datang. Semoga skripsi ini dapat memberikan manfaat bagi seluruh pihak, khususnya bagi mahasiswa Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Lambung Mangkurat.

Banjarbaru, Juli 2026



Arrifqi Tri Nurdila
NIM. 2211011310012

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL	i
HALAMAN PENGESAHAN	ii
PERNYATAAN	iii
ABSTRAK	iv
<i>ABSTRACT</i>	v
PRAKATA	vi
DAFTAR ISI	viii
DAFTAR TABEL	x
DAFTAR GAMBAR	xi
DAFTAR LAMPIRAN	xii
ARTI LAMBANG DAN SINGKATAN	xiii
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Tujuan Penelitian	3
1.3 Sistematika Penulisan.....	3
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	5
2.1 Persamaan Diferensial.....	5
2.2 Sistem Persamaan Diferensial.....	6
2.2.1 Sistem Persamaan Diferensial Linier.....	6
2.2.2 Sistem Persamaan Diferensial Nonlinear	7
2.3 Model Epidemi.....	8
2.3.1 Model SIR Klasik	8
2.4 Titik Ekuilibrium.....	9
2.5 Bilangan Reproduksi Dasar.....	9
2.6 Linearisasi	11
2.7 Determinan dan Ekspansi Kofaktor	13
2.8 Nilai Eigen dan Vektor Eigen	15
2.9 Kriteria Routh-Hurwitz	17
2.10 Analisis Kestabilan Lokal	18

2.11	Analisis Sensitivitas	19
2.12	Metode Runge-Kutta Orde Empat	20
2.13	Penyakit Menular	21
2.14	Vaksinasi	22
2.15	Virus Multi-Strain	22
BAB III PROSEDUR PENELITIAN		24
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....		26
4.1	Pembentukan Model.....	26
4.2	Titik Ekuilibrium dan Bilangan Reproduksi Dasar pada Virus Strain..	36
4.2.1	Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit (E_0)	36
4.2.2	Titik Ekuilibrium Original Strain	38
4.2.3	Titik Ekuilibrium New Strain	39
4.2.4	Titik Ekuilibrium Endemik.....	41
4.2.5	Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)	44
4.3	Linearisasi	46
4.4	Kestabilan Lokal pada Model SVIR	47
4.4.1	Kestabilan Lokal pada Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit (JE_0).....	47
4.4.2	Kestabilan Lokal pada Titik Ekuilibrium Original Strain	49
4.4.3	Kestabilan Lokal pada Titik Ekuilibrium New Strain	53
4.4.4	Kestabilan Lokal pada Titik Ekuilibrium Endemik.....	59
4.5	Analisis Sensitivitas pada Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)	68
4.6	Simulasi Numerik pada Model SVIR	74
4.6.1	Simulasi Numerik di Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit	74
4.6.2	Simulasi Numerik di Titik Ekuilibrium Original Strain	84
4.6.3	Simulasi Numerik di Titik Ekuilibrium New Strain.....	96
4.6.4	Simulasi Numerik di Titik Ekuilibrium Endemik.....	101
BAB V PENUTUP		111
5.1	Kesimpulan	111
5.2	Saran.....	113
DAFTAR PUSTAKA		114
LAMPIRAN		

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. Tabel 4.1 Rumus Indeks Sensitivitas R_0	71
2. Tabel 4.2 Rumus Indeks Sensitivitas R_0'	73
3. Tabel 4.3 Nilai Parameter untuk Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit.....	74
4. Tabel 4.4 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit.....	83
5. Tabel 4.5 Nilai Parameter untuk Titik Ekuilibrium Original Strain.....	85
6. Tabel 4.6 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium Original Strain.....	94
7. Tabel 4.7 Nilai Parameter untuk Titik Ekuilibrium New Strain	96
8. Tabel 4.8 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium New Strain	99
9. Tabel 4.9 Nilai Parameter untuk Titik Ekuilibrium Endemik	101
10. Tabel 4.10 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium Endemik	107

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
1. Gambar 2.1 Diagram alir model SIR Kermack-McKendrick.....	8
2. Gambar 4.1 Diagram alir Model Epidemi SVIR Multi-Strain	28
3. Gambar 4.2 Simulasi Numerik Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit	83
4. Gambar 4.3 Simulasi Numerik Titik Ekuilibrium Original Strain	95
5. Gambar 4.4 Simulasi Numerik Titik Ekuilibrium New Strain.....	100
6. Gambar 4.5 Simulasi Numerik Titik Ekuilibrium Endemik.....	108

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
Lampiran 1 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit	118
Lampiran 2 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium Original Strain	120
Lampiran 3 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium New Strain	122
Lampiran 4 Solusi Numerik di Titik Ekuilibrium Endemik.....	126

ARTI LAMBANG DAN SINGKATAN

- $S(t)$: Jumlah subpopulasi yang sehat tetapi rentan terinfeksi (*Susceptible*) pada saat t .
- $V(t)$: Jumlah subpopulasi yang telah divaksinasi (*Vaccinated*) pada saat t .
- $I_1(t)$: Jumlah subpopulasi yang terinfeksi strain pertama (*Infected-strain 1*) pada saat t .
- $R_1(t)$: Jumlah subpopulasi yang sembuh dari strain pertama (*Recovered- strain 1*) pada saat t .
- $I_2(t)$: Jumlah subpopulasi yang terinfeksi strain kedua (*Infected-strain 2*) pada saat t .
- $R_2(t)$: Jumlah subpopulasi yang sembuh dari strain kedua (*Recovered- strain 2*) pada saat t .
- $N(t)$: Jumlah populasi total pada saat t .
- $\frac{dS}{dt}$: Perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* terhadap waktu.
- $\frac{dV}{dt}$: Perubahan jumlah subpopulasi *Vaccinated* terhadap waktu.
- $\frac{dI_1}{dt}$: Perubahan jumlah subpopulasi terinfeksi strain pertama terhadap waktu.
- $\frac{dR_1}{dt}$: Perubahan jumlah subpopulasi sembuh dari strain pertama terhadap waktu.
- $\frac{dI_2}{dt}$: Perubahan jumlah subpopulasi terinfeksi strain kedua terhadap waktu.
- $\frac{dR_2}{dt}$: Perubahan jumlah subpopulasi sembuh dari strain kedua terhadap waktu.
- $s(t)$: Proporsi subpopulasi yang sehat tetapi rentan terinfeksi pada saat t .
- $v(t)$: Proporsi subpopulasi yang telah divaksinasi pada saat t .
- $i_1(t)$: Proporsi subpopulasi yang terinfeksi strain pertama pada saat t .
- $r_1(t)$: Proporsi subpopulasi yang sembuh dari strain pertama pada saat t .
- $i_2(t)$: Proporsi subpopulasi yang terinfeksi strain kedua pada saat t .

$r_2(t)$	: Proporsi subpopulasi yang sembuh dari strain kedua pada saat t .
$n(t)$	: Proporsi populasi total pada saat t .
$\frac{ds}{dt}$	: Perubahan proporsi subpopulasi <i>Susceptible</i> terhadap waktu.
$\frac{dv}{dt}$	: Perubahan proporsi subpopulasi <i>Vaccinated</i> terhadap waktu.
$\frac{di_1}{dt}$	: Perubahan proporsi subpopulasi terinfeksi strain pertama terhadap waktu.
$\frac{dr_1}{dt}$	: Perubahan proporsi subpopulasi sembuh dari strain pertama waktu.
$\frac{di_2}{dt}$	: Perubahan proporsi subpopulasi terinfeksi strain kedua terhadap waktu.
$\frac{dr_2}{dt}$	: Perubahan proporsi subpopulasi sembuh dari strain kedua terhadap waktu.
μ	: Laju kelahiran/kematian alami.
β	: Laju penularan oleh strain pertama.
β'	: Laju penularan oleh strain kedua.
γ	: Laju kesembuhan dari strain pertama.
γ'	: Laju kesembuhan dari strain kedua.
p	: Proporsi individu yang menerima vaksin.
E^0	: Titik ekuilibrium bebas penyakit.
E^*	: Titik ekuilibrium endemik.
$\mathfrak{R}_0$	: Bilangan reproduksi dasar.
J	: Matriks Jacobian.
K	: Matriks <i>Next Generation</i> .
λ	: Nilai eigen dari persamaan karakteristik.
WHO	: <i>World Health Organization</i> .