

Stability Analysis of the SIR-SI Model for Dengue Fever Transmission with Saturated Birth Rate

Analisis Kestabilan Model SIR-SI untuk Transmisi Penyakit Demam Berdarah Dengue dengan Angka Kelahiran Jenuh

Joko Harianto^{1*}, Katarina Lodia Tutuop^{2**}

* *Program Studi Matematika FMIPA Universitas Cenderawasih, Papua*

** *Program Studi Ilmu Kesehatan Masyarakat FKM Universitas Cenderawasih, Papua*

Email: joharijpr88@gmail.com¹, lodiatutuop26@gmail.com²

Abstract

The SIR-SI mathematical model for the problem of dengue virus spread which has been discussed in previous studies has not involved the saturated birth rate of mosquito. This discussion aims to construct and analyze the SIR-SI model which involves competition factors in mosquito population growth so that the model used to predict the number of dengue virus infections becomes more realistic. In addition, sensitivity analysis and numerical simulations of the models that have been constructed are also discussed. The method used is a literature study using theories derived from reputable articles. The results of this discussion show that the existence of an equilibrium point and its stability depends on the basic reproduction number. If the basic reproduction number is less than one, the number of cases of dengue fever infection will decrease. However, if the basic reproduction number is more than one, the number of cases of dengue infection will not decrease and even tend to be constant at a certain number. The average parameter of bites carried out by one mosquito in all humans (r) is the most dominant in increasing the spread of dengue disease in humans. On the other hand, mosquitoes' natural death rate parameter (μ_v) is the most dominant in reducing the spread of dengue fever in humans. This information provides input and evaluation to decision-makers in solving the problem of the spread of dengue fever.

Keywords: Dengue fever, Sensitivity analysis, SIR-SI model



Abstrak

Model matematika SIR-SI untuk masalah penyebaran virus dengue yang telah dibahas pada penelitian-penelitian sebelumnya belum melibatkan faktor kejenuhan pertumbuhan alami nyamuk. Pembahasan ini bertujuan mengkonstruksi dan menganalisis model SIR-SI yang melibatkan faktor kejenuhan pertumbuhan alami nyamuk sehingga model yang dibahas lebih realistis. Selain itu, dibahas juga analisis sensitivitas dan simulasi numerik model yang telah dikonstruksi. Metode yang digunakan adalah studi pustaka dengan menggunakan teori-teori yang berasal dari artikel bereputasi. Hasil pembahasan ini menunjukkan bahwa eksistensi titik ekuilibrium dan kestabilan lokalnya bergantung pada bilangan reproduksi dasar model SIR-SI. Jika bilangan reproduksi dasar kurang dari angka satu maka jumlah kasus infeksi penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) akan menurun. Namun, jika bilangan reproduksi dasar lebih dari angka satu maka jumlah kasus infeksi penyakit DBD tidak akan menurun bahkan cenderung konstan pada angka tertentu. Parameter rata-rata gigitan yang dilakukan oleh satu nyamuk pada semua manusia (r) merupakan parameter yang paling berdampak terhadap peningkatan penyebaran penyakit DBD pada manusia. Di sisi lain, parameter laju kematian alami nyamuk (μ_v) merupakan parameter yang paling berdampak terhadap penurunan penyebaran penyakit DBD pada manusia. Informasi ini memberikan masukan dan evaluasi kepada pihak yang berwenang dalam menyelesaikan masalah penyebaran penyakit DBD.

Kata kunci: Demam berdarah dengue, Analisis sensitivitas, Model SIR-SI

1. PENDAHULUAN

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan masalah kesehatan masyarakat yang utama di negara tropis dan subtropis. Penyakit ini ditularkan melalui vektor yaitu nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus*. Demikian pula dengan manusia, nyamuk berbeda di antara mereka sendiri dalam hal ciri-ciri sejarah hidup mereka. Variasi individu, lingkungan, suhu dan kelembaban memiliki pengaruh yang kuat terhadap riwayat hidup nyamuk. Lebih dari 2,5 miliar orang atau hampir separuh penduduk dunia berisiko terinfeksi penyakit DBD. Sekitar 390 juta (kisaran 284-528 juta) orang positif terinfeksi virus dengue setiap tahunnya [10],[19].

Prediksi jumlah kasus infeksi virus dengue diperlukan melalui model matematika. Penelitian terkait model matematika untuk masalah epidemi penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) telah banyak dilakukan sebelumnya. Namun, kasus epidemi penyakit DBD secara signifikan masih terus mengalami peningkatan walaupun terkadang fluktuatif tiap tahunnya [1],[2],[8],[13],[14]. Oleh karena itu, penelitian terkait model matematika untuk masalah epidemi penyakit DBD terus dikembangkan sesuai dengan keadaan saat ini. Penelitian semacam ini perlu dilakukan dan terus dikembangkan karena dapat memberikan deskripsi terkait prediksi kecepatan penyebaran penyakit DBD di suatu wilayah. Hasil penelitian ini kemudian diharapkan dapat menjadi salah satu pertimbangan dalam pengambilan keputusan terkait tindakan pencegahan penyakit DBD.

Model matematika yang digunakan untuk memprediksi jumlah kasus epidemi DBD di masa mendatang antara lain model *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR) dan *Susceptible-Exposed-Infected-Recovered* (SEIR) [3],[12][16]-[18]. Sebagian besar model deterministik memanfaatkan ide-ide dari model SIR yang dikembangkan oleh Kermack dan McKendrick [7]. Pada model SIR individu yang sembuh diasumsikan tidak akan terinfeksi lagi oleh virus dengue. Fakta terkini menunjukkan bahwa pasien yang sembuh dari penyakit DBD masih berpeluang untuk terinfeksi kembali. Hal ini memotivasi para peneliti untuk memodifikasi model SIR

menjadi model SIRS [16]-[17]. Beberapa model matematika untuk masalah transmisi virus dengue telah diteliti dengan mempertimbangkan populasi manusia yang konstan dan vektor sebagai fungsi waktu [4]. Kemudian model tersebut dikembangkan dengan asumsi populasi manusia yang tidak konstan [5]. Penelitian dilanjutkan dengan melibatkan koeksistensi serotipe yang berbeda [6] dan melibatkan tahapan perkembangan vektor [20]. Faktor iklim mempengaruhi jumlah pertumbuhan vektor pembawa virus dengue sehingga faktor iklim dilibatkan dalam model [2],[8],[13],[14].

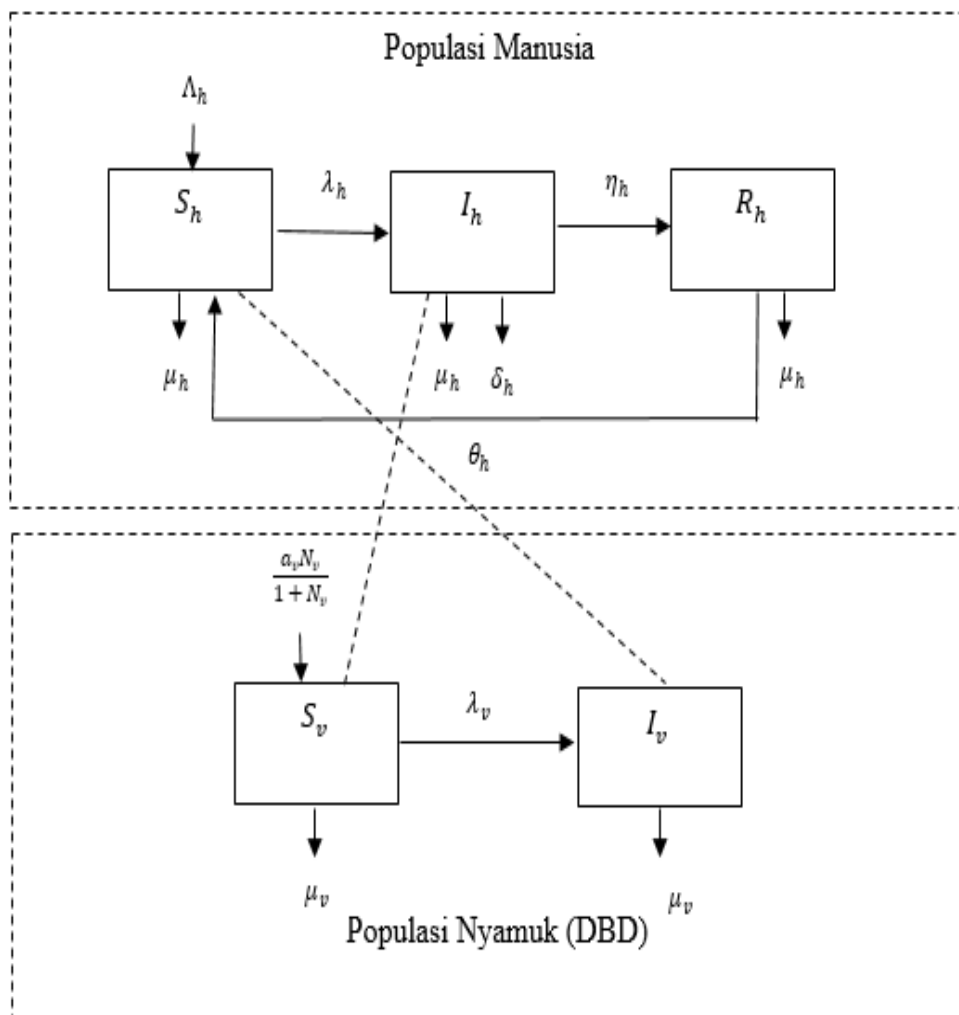
Pembahasan terkini model transmisi penyakit DBD yang melibatkan populasi manusia dan nyamuk dapat dipelajari dalam artikel Sanusi et al. (2021). Pembahasannya mengkonstruksi dan menganalisis model SIRS, menentukan bilangan reproduksi dasar modelnya serta membuat simulasi modelnya untuk memprediksi jumlah kasus infeksi penyakit DBD. Model tersebut dikonstruksi dengan asumsi bahwa jumlah populasi nyamuk konstan [15]. Namun, realitanya setiap saat jumlah populasi nyamuk dapat meningkat atau menurun (fluktuatif). Kondisi tersebut dapat terjadi karena dipengaruhi oleh berbagai faktor. Salah satu faktornya adalah sumber daya yang terkait dengan reproduksi nyamuk terbatas ketika jumlah nyamuk cukup padat. Kami berasumsi bahwa ada persaingan antara betina dewasa untuk menemukan tempat yang sesuai dan makanan untuk bertelur. Jadi, kami mengadopsi fungsi laju kelahiran jenuh [9],[11]. Faktor ini penting untuk dilibatkan dalam model agar model yang dibahas menjadi lebih realistis. Oleh karena itu, tujuan pembahasan ini adalah mengkonstruksi dan menganalisis model SIR-SI yang melibatkan faktor kejenuhan pertumbuhan alami nyamuk. Analisis sensitivitas dan simulasi numerik model dibahas juga dalam artikel ini.

Pembahasan ini menggunakan metode studi pustaka dengan rujukan dari artikel-artikel bereputasi. Langkah awal pembahasan dimulai dengan mengkonstruksi model SIR-SI yang merupakan sistem persamaan diferensial. Kemudian menentukan titik-titik ekuilibrium dari sistem tersebut. Selanjutnya ditentukan bilangan reproduksi dasar dan menganalisis kestabilan lokal titik ekuilibrium tersebut. Terakhir diberikan analisis sensitivitas dan simulasi numerik modelnya. Simulasi yang diberikan menggunakan software Maple.

Populasi pada model transmisi penyakit DBD dibagi menjadi dua yaitu populasi manusia dan nyamuk. Populasi manusia dibagi menjadi tiga subpopulasi, yaitu rentan, terinfeksi dan sembuh. Sedangkan populasi nyamuk dibagi menjadi dua subpopulasi yaitu rentan dan terinfeksi. Jumlah manusia yang sehat dan rentan pada saat t dinotasikan dengan $S_h(t)$, jumlah manusia yang telah terinfeksi pada saat t dinotasikan dengan $I_h(t)$, dan jumlah manusia yang sembuh namun sebagian kehilangan kekebalan pada saat t dinotasikan dengan $R_h(t)$. Jika dimisalkan jumlah populasi manusia pada saat t dinotasikan dengan $N_h(t)$, maka $S_h(t) + I_h(t) + R_h(t) = N_h(t)$. Kemudian jumlah nyamuk yang rentan dan dapat terinfeksi virus dengue pada saat t dinotasikan dengan $S_v(t)$, dan jumlah nyamuk yang terinfeksi virus dengue pada saat t dinotasikan dengan $I_v(t)$. Jika dimisalkan jumlah populasi nyamuk pada saat t dinyatakan dengan $N_v(t)$, maka $S_v(t) + I_v(t) = N_v(t)$. Asumsi-asumsi model antara lain, laju kelahiran nyamuk lebih besar dari laju kematian pada nyamuk, adanya kejenuhan pertumbuhan alami ketika jumlah nyamuk cukup padat, kematian terjadi di setiap subpopulasi nyamuk dengan laju yang sama, kematian alami pada nyamuk berbeda dengan kematian alami pada manusia, terjadi kematian alami di setiap subpopulasi manusia dengan laju yang sama, tidak semua manusia yang sembuh dari penyakit DBD mendapat kekebalan terhadap penyakit DBD.

Laju kelahiran pada manusia dinotasikan dengan Λ_h , laju kematian alami pada manusia dinotasikan dengan μ_h , laju kematian alami pada nyamuk dinotasikan dengan μ_v , laju kematian manusia akibat penyakit DBD dinotasikan dengan δ_h , laju hilangnya kekebalan tubuh terhadap infeksi virus dengue dinotasikan dengan θ_h , laju pemulihan dari penyakit DBD pada manusia dinotasikan dengan η_h , laju infeksi virus dengue terhadap manusia yang rentan dinotasikan

dengan λ_h , laju infeksi virus dengue terhadap nyamuk yang rentan dinotasikan dengan λ_v , jumlah rata-rata gigitan yang dilakukan oleh satu nyamuk pada semua manusia dinotasikan dengan r , jumlah rata-rata gigitan yang diterima manusia dari semua nyamuk dinotasikan dengan r_1 , probabilitas penularan virus dengue dari manusia ke nyamuk yang rentan dinotasikan dengan β_h , probabilitas penularan virus dengue dari nyamuk ke manusia yang rentan dinotasikan dengan β_v .



Gambar 1.1. Diagram model SIR-SI untuk populasi nyamuk dan manusia

Fungsi laju kelahiran nyamuk yang melibatkan tingkat kejenuhan, yaitu $a_v N_v / (1 + N_v)$. Nilai maksimum laju rekrutmen populasi nyamuk dinotasikan dengan a_v dengan asumsi $a_v > \mu_v$. Diagram model SIR-SI untuk populasi nyamuk dan manusia ditunjukkan pada Gambar 1.1. Secara matematis berdasarkan asumsi-asumsi yang telah dikemukakan dan diagram model SIR-SI untuk populasi nyamuk dan manusia pada Gambar 1.1 diperoleh model dalam bentuk sistem persamaan diferensial berikut ini

$$\left. \begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= \Lambda_h + \theta_h R_h - \lambda_h S_h - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \lambda_h S_h - (\mu_h + \delta_h + \eta_h) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= \eta_h I_h - (\theta_h + \mu_h) R_h \\ \frac{dS_v}{dt} &= \frac{a_v N_v}{(1 + N_v)} - (\lambda_v + \mu_v) S_v \\ \frac{dI_v}{dt} &= \lambda_v S_v - \mu_v I_v \end{aligned} \right\} \quad (1)$$

dengan

$$\lambda_v = r\beta_n \frac{I_h}{N_h} \quad (2)$$

$$\lambda_h = r\beta_v \frac{I_v}{N_h} \quad (3)$$

2. HASIL DAN PEMBAHASAN

Total populasi nyamuk memenuhi persamaan berikut:

$$\frac{dN_v}{dt} = \frac{a_v N_v}{1 + N_v} - \mu_v N_v \quad (4)$$

sehingga Sistem (1) ekuivalen dengan sistem persamaan diferensial berikut ini:

$$\left. \begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= \Lambda_h - r\beta_v \frac{I_v}{N_h} S_h + \theta_h R_h - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= r\beta_v \frac{I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \delta_h + \eta_h) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= \eta_h I_h - (\theta_h + \mu_h) R_h \\ \frac{dI_v}{dt} &= r\beta_n \frac{I_h}{N_h} (N_v - I_v) - \mu_v I_v \\ \frac{dN_v}{dt} &= \frac{a_v N_v}{1 + N_v} - \mu_v N_v \end{aligned} \right\} \quad (5)$$

dengan $S_h > 0, I_h > 0, R_h > 0, I_v > 0, N_v > 0$ dan semua parameternya bernilai positif. Jika dimisalkan $(S_h^*, I_h^*, R_h^*, I_v^*, N_v^*)$ merupakan titik ekuilibrium non-endemik, maka

$$\left. \begin{aligned} \Lambda_h - r\beta_v \frac{I_v^*}{N_h^*} S_h^* + \theta_h R_h^* - \mu_h S_h^* &= 0 \\ r\beta_v \frac{I_v^*}{N_h^*} S_h^* - (\mu_h + \delta_h + \eta_h) I_h^* &= 0 \\ \eta_h I_h^* - (\theta_h + \mu_h) R_h^* &= 0 \\ r\beta_n \frac{I_h^*}{N_h^*} (N_v^* - I_v^*) - \mu_v I_v^* &= 0 \\ \frac{a_v N_v^*}{1 + N_h^*} - \mu_v N_v^* &= 0 \end{aligned} \right\} \quad (6)$$

Titik equilibrium mempunyai interpretasi biologis yang bergantung pada I^* . Jika manusia dan nyamuk tidak ada yang terinfeksi dengue dalam populasi ($I_h^* = I_v^* = 0$), maka disebut sebagai keadaan bebas penyakit. Sebaliknya, jika masih ada manusia dan nyamuk yang terinfeksi dengue ($I_h^* > 0, I_v^* > 0$), maka keadaan ini disebut endemik. Pada Sistem (6) untuk kasus $I_h^* = I_v^* = 0$ terdapat satu titik equilibrium bebas penyakit, yakni $E_0 \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h}, 0, 0, 0, \frac{r_0}{\mu_v} \right)$.

Bilangan reproduksi dasar merupakan ambang batas untuk menentukan apakah akan terjadi endemik DBD dalam populasi. Berikut ini ditentukan bilangan reproduksi dasar menggunakan metode *next generation matrix*.

Sistem (5) mempunyai dua state terinfeksi, yaitu I_h and I_v sehingga bilangan reproduksi dasar ditentukan melalui subsistem berikut ini,

$$\begin{aligned} \frac{dI_h}{dt} &= r\beta_v \frac{I_v}{N_h} S_h - \sigma_{1h} I_h \\ \frac{dI_v}{dt} &= r\beta_h \frac{I_h}{N_h} (N_v - I_v) - \mu_v I_v \end{aligned}$$

dengan $\sigma_{1h} = \mu_h + \delta_h + \eta_h$. Dengan demikian, bilangan reproduksi dasar Sistem (5) berdasarkan metode next generation matrix adalah

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) = \sqrt{\frac{r^2 \beta_h \beta_v r_0 \mu_h}{\Lambda_h \mu_v^2 \sigma_{1h}}}$$

dengan

$$F = \begin{bmatrix} 0 & r\beta_v \\ r\beta_h r_0 \mu_h & 0 \\ \Lambda_h \mu_v & 0 \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} \sigma_{1h} & 0 \\ 0 & \mu_v \end{bmatrix}$$

Jika $I_h^* > 0$ dan $I_v^* > 0$, maka dari Sistem (6) diperoleh titik equilibrium endemik $E_1(S_h^*, I_h^*, R_h^*, I_v^*, N_v^*)$ dengan

$$\begin{aligned} S_h^* &= \frac{\sigma_{1h} \sigma_{2h} \Lambda_h}{\sigma_{1h} \sigma_{2h} (\lambda_h^* + \mu_h) - \theta_h \eta_h \lambda_h^*}, I_h^* = \frac{S_h^*}{\sigma_{1h}} \lambda_h^*, R_h^* = \frac{\eta_h S_h^*}{\sigma_{2h} \sigma_{1h}} \lambda_h^* \\ I_v^* &= \frac{\lambda_v^* r_0}{\mu_v (\lambda_v^* + \mu_v)}, N_v^* = \frac{r_0}{\mu_v} \\ \lambda_v^* &= r\beta_h \frac{I_h^*}{N_h^*}, \lambda_h^* = r\beta_v \frac{I_v^*}{N_h^*}, \sigma_{1h} = \mu_h + \delta_h + \eta_h, \sigma_{2h} = \mu_h + \theta_h \end{aligned}$$

λ_h^* merupakan akar positif dari persamaan

$$K_1 \lambda_h^{*2} + K_2 \lambda_h^* + K_3 = 0 \quad (7)$$

dengan

$$\begin{aligned} K_1 &= \Lambda_h \mu_v (\sigma_{2h} + \eta_h) (r\beta_h \sigma_{2h} + (\sigma_{2h} + \eta_h) \mu_v) \\ K_2 &= \frac{\Lambda_h \mu_v^2 \sigma_{1h} \sigma_{2h} (\sigma_{1h} \sigma_{2h} - \theta_h \eta_h)}{\mu_h} \left(\frac{\mu_h (r\beta_h \sigma_{2h} + 2\mu_v \sigma_{2h} + 2\mu_v \eta_h)}{\mu_v (\sigma_{1h} \sigma_{2h} - \theta_h \eta_h)} - R_0^2 \right) \\ K_3 &= \Lambda_h \mu_v^2 \sigma_{1h}^2 \sigma_{2h}^2 (1 - R_0^2), \Delta = K_2^2 - 4K_1 K_3 \end{aligned}$$

Nilai K_3 pada Persamaan (7) bergantung pada R_0 sehingga untuk menentukan titik equilibrium endemik dapat ditinjau berdasarkan dua kasus berikut ini

1. Jika $R_0 < 1$, maka $K_3 > 0$ akibatnya
 - a. Jika $K_2 > 0$, maka tidak terdapat titik equilibrium endemik,
 - b. Jika $K_2 = 0$, maka tidak terdapat titik equilibrium endemik,

- c. Jika $K_2 < 0$, maka untuk $\Delta < 0$ tidak terdapat titik ekuilibrium endemik, untuk $\Delta = 0$ terdapat satu titik ekuilibrium endemik, dan untuk $\Delta > 0$ terdapat dua titik ekuilibrium endemik.
2. Jika $R_0 > 1$, maka $K_3 < 0$ akibatnya pada Sistem (5) terdapat satu titik ekuilibrium endemik.

Teorema 2.1. Diberikan Sistem (5) dan didefinisikan bilangan reproduksi dasar R_0 sebagai berikut

$$R_0 = \sqrt{\frac{r^2 \beta_h \beta_v r_0 \mu_h}{\Lambda_h \mu_v^2 \sigma_{1h}}}$$

- (i) Jika $R_0 < 1$, maka titik ekuilibrium (E_0) stabil asimtotik lokal, sebaliknya jika $R_0 > 1$, maka titik ekuilibrium (E_0) tidak stabil.
- (ii) Jika $R_0 > 1, c_3 > 0, c_4 > 0$ dan $c_1 c_2 c_3 > c_3^2 + c_1^2 c_4$, maka titik ekuilibrium endemik E_1 stabil asimtotik lokal dengan

$$c_1 = q + v + y + l > 0$$

$$c_2 = qy + vy + ly + qv + lq + lv + sw > 0$$

$$c_3 = -svw + qvy + lqv + lqy + lqv - slw - mpu - npw$$

$$c_4 = mpuy - npvw - slwv + yvlq$$

$$l = r\beta_v \frac{I_v^{**}}{N_h} + \mu_h, \quad m = \theta_h, \quad n = r\beta_v \frac{S_h^{**}}{N_h}, \quad p = r\beta_v \frac{I_v^{**}}{N_h},$$

$$q = (\mu_h + \delta_h + \eta_h) = \sigma_{1h}, \quad s = r\beta_v \frac{S_h^{**}}{N_h}, \quad u = \eta_h,$$

$$v = (\theta_h + \mu_h) = \sigma_{2h}, \quad w = r\beta_h \frac{N_v}{N_h}, \quad y = r\beta_h \frac{I_h^{**}}{N_h} + \mu_v$$

Bukti.

- (i) Karena persamaan terakhir pada Sistem (5) tidak berpengaruh terhadap persamaan yang lainnya, maka Sistem (5) dapat disederhanakan menjadi

$$\left. \begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= \Lambda_h - r\beta_v \frac{I_v}{N_h} S_h + \theta_h R_h - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= r\beta_v \frac{I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \delta_h + \eta_h) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= \eta_h I_h - (\theta_h + \mu_h) R_h \\ \frac{dI_v}{dt} &= r\beta_h \frac{I_h}{N_h} (N_v - I_v) - \mu_v I_v \end{aligned} \right\} \quad (8)$$

sehingga matriks Jacobian Sistem (8) di sekitar titik ekuilibrium $E_0(S_h^*, I_h^*, R_h^*, I_v^*)$ adalah

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -\mu_h & 0 & \theta_h & -r\beta_v \\ 0 & -\sigma_{1h} & 0 & r\beta_v \\ 0 & \eta_h & -\sigma_{2h} & 0 \\ 0 & r\beta_h \frac{r_0 \mu_h}{\mu_v \Lambda_h} & 0 & -\mu_v \end{bmatrix}$$

dengan $\sigma_{1h} = \mu_h + \delta_h + \eta_h$, $\sigma_{2h} = \theta_h + \mu_h$, $N_v = \frac{r_0}{\mu_v}$, dan $N_h^{**} = S_h^{**} + I_h^{**} + R_h^{**}$ sehingga persamaan karakteristik dari matriks $J(E_0)$ adalah

$$(\lambda + \mu_h)(\lambda + \sigma_{2h})(\lambda^2 + (\sigma_{1h} + \mu_v)\lambda + (1 - R_0^2)\mu_v \sigma_{1h}) = 0 \quad (9)$$

Jadi, diperoleh dua nilai eigen dari Persamaan (9) yaitu $\lambda_1 = -\mu_h$, $\lambda_2 = -\sigma_{2h}$. Sedangkan dua nilai eigen lainnya, yaitu λ_3 dan λ_4 diperoleh dari Persamaan $\lambda^2 + (\sigma_{1h} + \mu_v)\lambda + (1 - R_0^2)\mu_v\sigma_{1h} = 0$. Karena $R_0 < 1$, maka jelas bahwa $\sigma_{1h} + \mu_v > 0$ dan $\mu_v\sigma_{1h}(1 - R_0^2) > 0$, sehingga berdasarkan kriteria Routh-Harwitz semua akar persamaan $\lambda^2 + (\sigma_{1h} + \mu_v)\lambda + (1 - R_0^2)\mu_v\sigma_{1h} = 0$ bernilai negatif. Dengan demikian, titik ekuilibrium non endemik $E_0(S_h^*, I_h^*, R_h^*, I_v^*, N_v^*)$ bersifat stabil asimtotik lokal. Sedangkan jika $R_0 > 1$ maka $\mu_v\sigma_{1h}(1 - R_0^2) < 0$, sehingga berdasarkan kriteria Routh-Harwitz tidak semua akar persamaan $\lambda^2 + (\sigma_{1h} + \mu_v)\lambda + (1 - R_0^2)\mu_v\sigma_{1h} = 0$ bernilai negatif. Jadi, jika $R_0 > 1$, maka titik ekuilibrium non endemik $E_0(S_h^*, I_h^*, R_h^*, I_v^*, N_v^*)$ tidak stabil.

(ii) Jelas bahwa titik ekuilibrium endemik E_1 ada saat $R_0 > 1$, sehingga matriks Jacobian di sekitar titik ekuilibrium $E_1 = (S_h^{**}, I_h^{**}, R_h^{**}, I_v^{**})$ adalah sebagai berikut

$$J(E_1) = \begin{bmatrix} -(r\beta_v \frac{I_v^{**}}{N_h} + \mu_h) & 0 & \theta_h & -r\beta_v \frac{S_h^{**}}{N_h} \\ r\beta_v \frac{I_v^{**}}{N_h} & -(\mu_h + \delta_h + \eta_h) & 0 & r\beta_v \frac{S_h^{**}}{N_h} \\ 0 & \eta_h & -(\theta_h + \mu_h) & 0 \\ 0 & r\beta_h \frac{N_v}{N_h} & 0 & -(r\beta_h \frac{I_h^{**}}{N_h} + \mu_v) \end{bmatrix}$$

sehingga persamaan karakteristiknya adalah

$$\lambda^4 + c_1\lambda^3 + c_2\lambda^2 + c_3\lambda + c_4 = 0 \quad (9)$$

dengan

$$c_1 = q + v + y + l > 0$$

$$c_2 = qy + vy + ly + qv + lq + lv + sw > 0$$

$$c_3 = qvy + lqv + lqy + lqv - svw - slw - mpu + npw$$

$$c_4 = npvw - mpuv - slwv + yvlq$$

$$l = r\beta_v \frac{I_v^{**}}{N_h} + \mu_h, \quad m = \theta_h, \quad n = r\beta_v \frac{S_h^{**}}{N_h}, \quad p = r\beta_v \frac{I_v^{**}}{N_h},$$

$$q = (\mu_h + \delta_h + \eta_h) = \sigma_{1h}, \quad s = r\beta_v \frac{S_h^{**}}{N_h}, \quad u = \eta_h,$$

$$v = (\theta_h + \mu_h) = \sigma_{2h}, \quad w = r\beta_h \frac{N_v}{N_h}, \quad y = r\beta_h \frac{I_h^{**}}{N_h} + \mu_v$$

Jika $c_1 > 0, c_3 > 0, c_4 > 0$, dan $c_1c_2c_3 > c_3^2 + c_1^2c_4$, maka semua akar Persamaan (9) bernilai negatif, akibatnya titik ekuilibrium endemik $E_1(S_h^{**}, I_h^{**}, R_h^{**}, I_v^{**}, N_v^{**})$ stabil asimtotik lokal. Tabel 2.1 menunjukkan semua nilai dasar parameter yang digunakan untuk melakukan simulasi. Nilai parameter tersebut terdiri dari dua kasus, yaitu kasus transmisi rendah ($R_0 < 1$) dan transmisi tinggi ($R_0 > 1$). Bilangan reproduksi dasar untuk kasus transmisi rendah berdasarkan nilai parameter pada Tabel 2.1 adalah $R_0 = 0,46$. Titik ekuilibrium bebas penyakit (1666, 0, 0, 0, 153) stabil asimtotik lokal untuk kasus ini dengan nilai awal (2000, 180, 0, 200, 100). Sedangkan bilangan reproduksi dasar untuk kasus transmisi tinggi berdasarkan nilai parameter pada Tabel 1 adalah $R_0 = 1,84$. Titik ekuilibrium endemik (834, 147, 69, 117, 153) stabil asimtotik lokal untuk kasus ini dengan nilai awal (300, 10, 10, 200, 10).

Indeks sensitivitas variabel V dari suatu parameter q didefinisikan sebagai

$$\gamma_q^W = \frac{\partial V}{\partial q} \times \frac{q}{V}$$

JURNAL MATEMATIKA, STATISTIKA DAN KOMPUTASI

Joko Harianto, Katarina Lodia Tutuop

Definisi ini berarti bahwa semakin tinggi indeks sensitivitas, semakin besar pengaruhnya terhadap variabel yang diukur, begitu pula sebaliknya. Parameter yang sensitif harus dievaluasi dengan hati-hati karena perubahan kecil dalam parameter ini menyebabkan perubahan kuantitatif yang besar. Indeks sensitivitas bilangan reproduksi dasar dari parameter β_h dihitung sebagai berikut

$$\gamma_{\beta_h}^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial \beta_h} \times \frac{\beta_h}{R_0} = \frac{1}{2}$$

Indeks sensitivitas bilangan reproduksi dasar dari parameter lainnya dapat dihitung secara analog seperti definisi di atas. Indeks sensitivitas bilangan reproduksi dari setiap parameter pada Sistem (5) diberikan pada Tabel 2.2.

Tabel 2.1. Nilai parameter (baseline) untuk model transmisi DBD

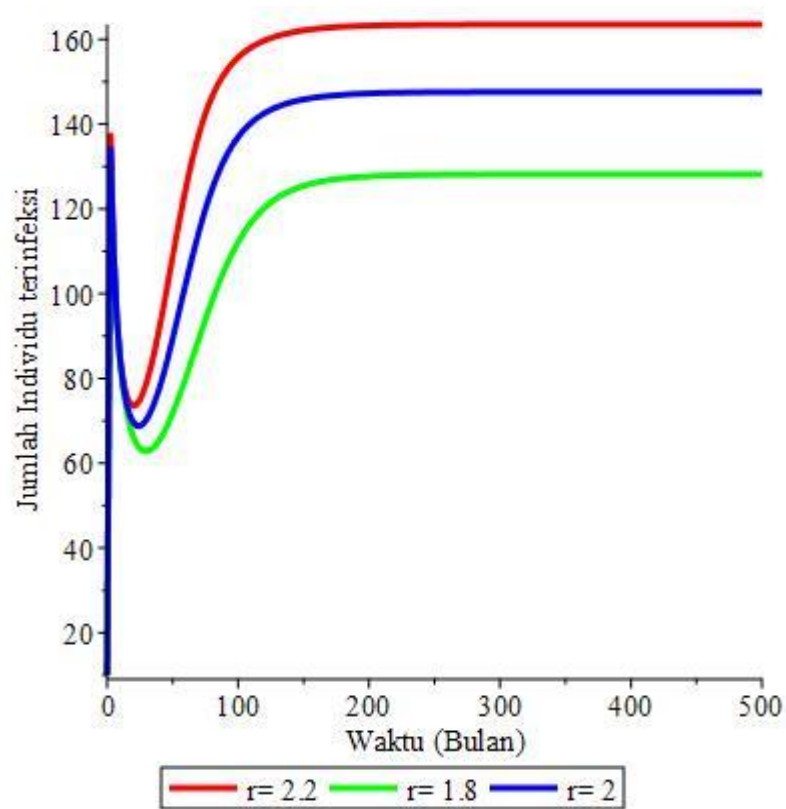
No	Parameter	Transmisi rendah	Transmisi tinggi	Sumber
1.	β_h	0,375	0,375	[16]
2.	β_v	0,75	0,75	[16]
3.	r	0,5	2	[16]
4.	Λ_h	200	200	Asumsi
5.	μ_h	0,12	0,12	[16]
6.	δ_h	0,5	0,5	[16]
7.	η_h	0,328	0,328	[16]
8.	a_v	5	5	Asumsi
9.	μ_v	0,0323	0,0323	[16]
10.	θ_h	0,575	0,575	Asumsi

Tabel 2.2. Indeks sensitivitas setiap parameter pada Sistem (5)

No.	Parameter	Sensitivity Index	
		Transmisi rendah	Transmisi tinggi
1.	β_h	0,5	0,5
2.	β_v	0,5	0,5
3.	r	1	0,99
4.	Λ_h	-0,5	-0,5
5.	μ_h	0,24	0,45
6.	δ_h	-0,16	-0,19
7.	η_h	-0,08	-0,26
8.	a_v	0,52	0,54
9.	μ_v	-1,02	-1,04
10.	θ_h	0	0

Tabel 2.2 memperlihatkan parameter yang berpengaruh besar hingga kecil terhadap bilangan reproduksi dasar. Dua parameter yang paling berpengaruh terhadap bilangan reproduksi dasar, yaitu rata-rata gigitan yang dilakukan oleh satu nyamuk pada semua manusia (r) dan laju kematian alami nyamuk (μ_v). Indeks sensitivitas positif menunjukkan peningkatan bilangan reproduksi dasar, sebaliknya indeks sensitivitas negatif menunjukkan penurunan bilangan reproduksi dasar. Jika dimisalkan nilai parameter r pada Tabel 2.1 diperbesar sedangkan parameter yang lainnya nilainya tetap, maka akibatnya bilangan reproduksi dasar membesar. Jika

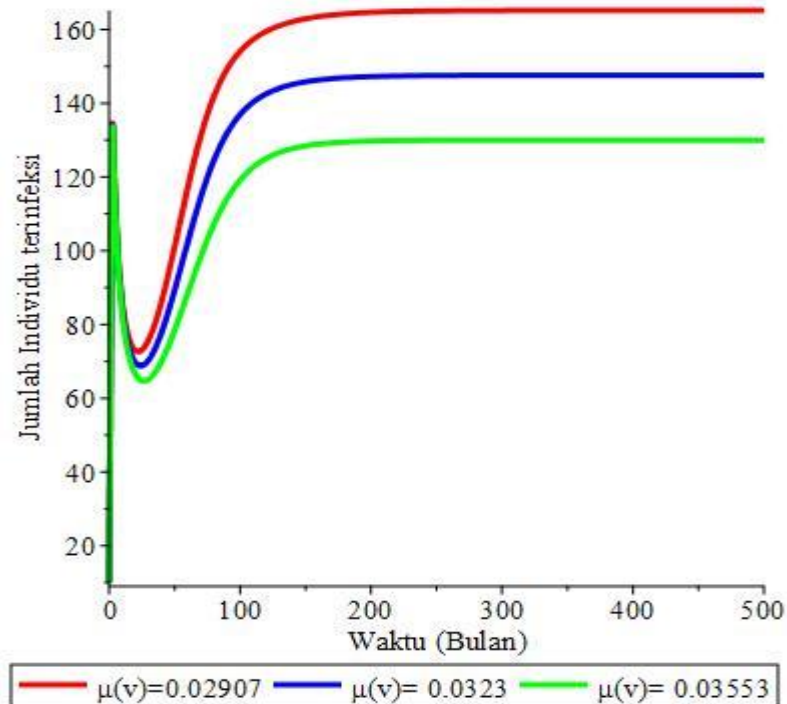
dimisalkan nilai parameter μ_v pada Tabel 2.1 diperbesar nilainya sedangkan parameter lainnya nilainya tetap, maka akibatnya bilangan reproduksi dasar menurun. Tabel 2.2 menunjukkan bahwa rata-rata gigitan yang dilakukan oleh satu nyamuk pada semua manusia (r) and laju kematian alami nyamuk (μ_v) sebagai parameter yang paling berdampak terhadap penyebaran penyakit DBD. Hal ini karena indeks sensitivitas parameter r untuk kasus transmisi rendah dan transmisi tinggi lebih besar nilainya dibandingkan dengan indeks sensitivitas parameter lainnya. Begitu juga untuk indeks sensitivitas parameter μ_v untuk kasus transmisi rendah dan transmisi tinggi merupakan nilai terendah dibandingkan dengan indeks sensitivitas parameter lainnya.



Gambar 2.1. Dinamika populasi manusia terinfeksi DBD dengan variasi nilai r

Jika parameter r nilainya diperbesar 10% maka bilangan reproduksi dasar meningkat sebesar 10,6% dari semula. Sedangkan, jika nilai parameter μ_v nilainya diperkecil 10% maka bilangan reproduksi dasar meningkat sebesar 22,6% dari semula. Jika nilai parameter r untuk kasus transmisi tinggi pada Tabel 1.1 sebesar 2 naik 10 % menjadi 2,2, maka dalam situasi ini jumlah manusia terinfeksi akan meningkat. Sedangkan jika nilai parameter r turun 10 % menjadi sekitar 1,8, maka jumlah manusia terinfeksi akan menurun. Simulasi dinamika populasi manusia yang terinfeksi penyakit DBD dengan variasi nilai r ditunjukkan pada Gambar 2.1. Jika nilai parameter μ_v pada Tabel 2.1 sebesar 0,0323 (transmisi tinggi) diperbesar 10% menjadi 0,03553, maka dalam situasi ini jumlah manusia terinfeksi akan menurun. Sedangkan jika nilai parameter μ_v pada Tabel 1 diperkecil 10% menjadi 0,02907, maka jumlah manusia terinfeksi akan meningkat.

Simulasi dinamika populasi manusia yang terinfeksi penyakit DBD dengan variasi nilai parameter μ_v ditunjukkan pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2. Dinamika populasi manusia terinfeksi DBD dengan variasi nilai μ_v

3. KESIMPULAN

Eksistensi titik ekuilibrium dan kestabilan lokalnya bergantung pada bilangan reproduksi dasar model transmisi penyakit DBD. Jika bilangan reproduksi dasar kurang dari angka satu, maka terdapat satu titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium non endemik (bebas penyakit). Sebaliknya, jika bilangan reproduksi dasar lebih dari angka satu, maka ada dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium non endemik dan endemik. Titik ekuilibrium non endemik stabil asimtotik lokal merepresentasikan penyebaran penyakit DBD yang cenderung menurun karena jumlah subpopulasi terinfeksi sama dengan nol ($I_h = 0$). Titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik lokal merepresentasikan terjadinya penyebaran penyakit DBD yang masih terus berlangsung karena $I_h > 0$. Hasil analisis menunjukkan bahwa jika $R_0 < 1$, maka titik ekuilibrium non endemik stabil asimtotik lokal. Interpretasi biologis dari hasil tersebut adalah jika syarat $R_0 < 1$ dipenuhi, maka penyebaran penyakit DBD akan menurun. Selanjutnya, titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik lokal jika $R_0 > 1$. Hal ini secara biologis berarti bahwa penyebaran penyakit DBD akan tetap berlangsung dalam populasi dengan jumlah subpopulasi terinfeksi yang konstan. Indeks sensitivitas menunjukkan bahwa parameter rata-rata gigitan yang dilakukan oleh satu nyamuk pada semua manusia (r) merupakan parameter yang paling dominan terhadap peningkatan penyebaran penyakit DBD pada manusia. Di sisi lain, parameter laju kematian alami nyamuk

(μ_v) merupakan parameter yang paling dominan terhadap penurunan penyebaran penyakit DBD pada manusia. Analisis ini memberikan informasi bagi pengambil keputusan dalam menyelesaikan masalah penyebaran penyakit DBD.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Andraud, M., Hens, N. & Beutels, P., 2013. A simple periodic-forced model for dengue fitted to incidence data in Singapore. *Mathematical Biosciences*, vol. 244, no. 1, 22-28.
- [2] Alkhalidy, I., 2017. Modelling the association of dengue fever cases with temperature and relative humidity in Jeddah, Saudi Arabia-A generalised linear model with break-point analysis. *Acta Tropica*, vol. 168, 9-15.
- [3] Chimeh, M. K. & Richmond, P., 2018. Simulating heterogeneous behaviours in complex systems on GPUs. *Simulation Modelling Practice and Theory*, vol. 83, 3-17.
- [4] Esteva, L. & Vargas, C., 1998. Analysis of a dengue disease transmission model. *Mathematical Biosciences*, vol. 150, no. 2, 131-151.
- [5] Esteva, L. & Vargas, C., 1999. A model for dengue disease with variable human population. *Journal of Mathematical Biology*, vol. 38, no. 3, 220-240.
- [6] Esteva, L. & Vargas, C., 2003. Coexistence of different serotypes of dengue virus. *Journal of Mathematical Biology*, vol. 46, no. 1, 31-47.
- [7] Kermack, W. O. & McKendrick, A. G., 1991. Contributions to the mathematical theory of epidemics-I. *Bulletin of Mathematical Biology*, Vol. 53, 33-55.
- [8] Li, C. et al., 2017. Modeling and projection of dengue fever cases in Guangzhou based on variation of weather factors. *Science of The Total Environment*, vol. 8, No. 3, 605-606.
- [9] Li, Y., Guo, Z. & Xing, Y., 2020. Modeling Wolbachia Diffusion in Mosquito Populations by Discrete Competition Model. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, vol. 2020, 1-11.
- [10] Liu-Helmersson, J., et al., 2014. Vectorial capacity of *Aedes aegypti*: Effects of temperature and implications for global dengue epidemic potential. *PLoS One*, vol. 9, no. 3, 1-10.
- [11] Marini, G. et al., 2017. The effect of interspecific competition on the temporal dynamics of *Aedes albopictus* and *Culex pipiens*. *Parasites and Vectors*, vol. 10, no. 1, 1-9.
- [12] Nur, W. et al., 2018. SIR Model Analysis for Transmission of Dengue Fever Disease with Climate Factors Using Lyapunov Function. *Journal of Physics: Conference Series*, vol. 1028, no. 1, 1-7.
- [13] Nuraini, N. et al., 2021. Climate-based dengue model in Semarang, Indonesia: Predictions and descriptive analysis. *Infectious Disease. Modelling*, vol. 6, 598-611.
- [14] Putra, P. S. & Nuraini, N., 2017. Modeling of dengue occurrences early warning involving temperature and rainfall factors. *Asian Pacific Journal of Tropical Disease*, vol. 7, no. 7, 385-390.
- [15] Sanusi, W. et al., 2021. Analysis and Simulation of SIRS Model for Dengue Fever Transmission in South Sulawesi, Indonesia. *Journal of Applied Mathematics*, vol. 2021, 1-8.
- [16] Side, S. & Noorani, S. M., 2013. A SIR model for spread of dengue fever disease (simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia). *World Journal of Modelling and Simulation*, vol. 9, no. 2, 96-105.
- [17] Side, S. et al., 2019. A SEIRS model analysis and simulation for dengue fever

- transmission. *International Journal of Scientific and Technology Research*, vol. 8, no. 10, 1048-1053.
- [18] Side, S. et al., 2016. Global stability of SIR and SEIR model for tuberculosis disease transmission with lyapunov function method. *Asian Journal of Applied Sciences*, vol. 9, no. 3, 87-96.
- [19] Williams, C., R., et al., 2015. Testing the impact of virus importation rates and future climate change on dengue activity in Malaysia using a mechanistic entomology and disease model. *Epidemiology and Infection*, vol. 143, no. 13, 2856–2864.
- [20] Yang, H. M. & Ferreira, C. P., 2008. Assessing the effects of vector control on dengue transmission. *Applied Mathematics and Computation*, vol. 198, no. 1, 401-413.