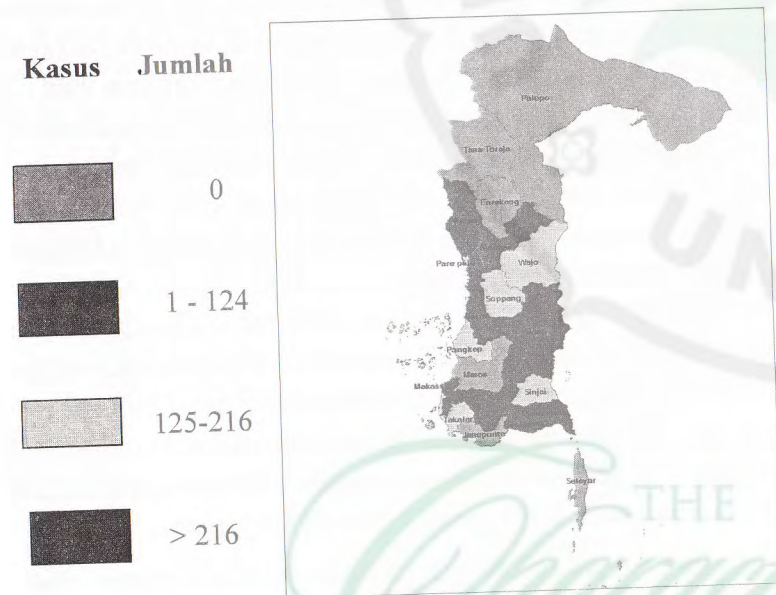


Kawalan Penyakit, Jabatan Kesehatan umum (DPH), KKRI dalam Gambar 2.1 (Sudariato, 2010). CFR demam berdarah di Sulawesi Selatan pada tahun 2008 sebanyak 0,83 dengan CFR kabupaten tertinggi ada di kabupaten Luwu Utara (14,29), kemudian kabupaten Maros (13,33), Pinrang (3,42), Sidrap (1,61), selanjutnya kabupaten Wajo, Makassar, Parepare, Gowa dan Bone masing-masing ( $< 1,5$ ).

Gambar 2.1 menjelaskan jumlah kasus demam berdarah di Sulawesi Selatan tahun 2007-2008 yang dilaporkan oleh Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (KKRI).



Gambar 2.1 Jumlah kasus DBD di Sulawesi Selatan 2007-2008 (Sumber: Bagian Kawalan Penyakit, KKRI Sulawesi Selatan 2010)

## BAB III

### TINJAUAN PUSTAKA

Bab ini menguraikan model-model SIR atau SEIR untuk penularan penyakit demam berdarah dengue (DBD) yang telah dilakukan oleh peneliti-peneliti sebelumnya. Kajian-kajian tersebut disajikan dalam tabel sehingga memudahkan pembaca untuk mengetahui kajian-kajian pendukung penelitian ini. Bagian ini juga menjelaskan gambaran umum pembentukan model SIR dan SEIR menggunakan gambar, sehingga mudah dipahami sebelum ke pemodelan matematika sebenarnya. Selanjutnya, bagian lain dari buku ini akan menguraikan kajian-kajian mengenai metode semi analitik yang terdiri dari empat metode yaitu: Metode Iterasi Variasi (MIV) dan Metode Perturbasi Homotopy (MPH), Metode Analisis Homotopi (MAH).

#### 3.1 Kajian Model Demam Berdarah

Kajian-kajian sebelumnya tentang model matematika untuk demam berdarah dari berbagai negara dapat dilihat dalam Tabel 3.1.

Tabel 3.1 Kajian Matematika Tentang Demam Berdarah

Penulis Pertama, Thn	Populasi	Model	KESIMPULAN
Ang, and Li 1999	Singapura	Model deterministik kompartmental untuk penyebaran DBD	Model yang disajikan berfungsi sebagai dasar teori untuk pengawalan dan pengawasan vektor DBD
Pongsumpun 2001, 2002	Thailand	Model deterministik kompartmental dengan struktur umur	Penularan sekunder menjelaskan kejadian usia khusus DBD
Massad, 2001, 2003	Brazil	Model deterministik kompartmental dengan <i>yellow fever</i>	$R_0$ untuk demam berdarah juga akan menunjukkan potensi penularan <i>yellow fever</i>
Bartley, 2002	Thailand	Model deterministik kompartmental bermusim dan jangkitan sekunder	Waktu puncak tersebar luasnya DD berkaitan dengan penanggulangan dalam sistem
Esteva & Vargas 2003, 2005	Thailand	Model deterministik dua <i>serotype</i>	Berdampingan dibenarkan untuk parameter besar

Derouich, 2003	Tidak ada	Model deterministik kompartmental dengan vaksinasi	Kombinasi ukuran persekitaran dan vaksinasi akan diperlukan sebagai dasar jangka pendek
Nadagambar 2003	Tidak ada	Model kompartmental stokastik dan kerapatan bergantung pada kematian	Simulasi berangka menunjukkan bahawa kemungkinan koeksistensi menurun dengan cepat
Kawaguchi, dkk, 2003	Tidak ada	Model deterministik dengan peranti tambahan bergantung antibodi dua <i>serotype</i>	Peningkatan kematian mendukung suatu evolusi stabil masyarakat dan mendapatkan virus co-sirkulasi
Pongsumpun, 2004	Tidak ada	Model deterministik kompartmental dengan mobile terjangkau	Jumlah penyebaran demam berdarah diperoleh sebagai fungsi dari lamanya waktu tinggal di daerah penuh
Cummings, 2005	Tidak ada	Model deterministik kompartmental dengan peranti tambahan bergantung pada antibodi	Tahap tinggi dari peranti tambahan, kemungkinan punah meningkat. Sebaliknya, peningkatan akan meringankan penghantaran.

Seng, 2005	Malaysia	Model Geostatistik untuk analisis dan pemetaan epidemiologi penyakit demam berdarah	Menunjukkan kemampuan suatu sistem pengawasan GIS dengan memasukkan epidemiologi penyakit dan pendekatan geostatistical untuk menyediakan petunjuk yang dapat dipercaya untuk pengurusan, kawalan dan pengawasan penyakit
Favier, 2006	Brazil	Model deterministik kompartmental dengan penentuan statistik dari penghentian pertumbuhan eksponen	Menyarankan $R_0$ yang diabaikan. Kapasitas vektor kualitas dapat memungkinkan wabah demam kuning
Derouich 2006	Tidak ada	Model deterministik dengan simulasi komputer	Pengurusan persekitaran hidup sebagai alat kawalan vektor tidak cukup, melainkan hanya dapat menunda munculnya wabah

Wearing, 2006	Thailand	Model stokastik hibrida peranti tambahan bergantung pada antibodi dan <i>serotype</i>	Waktu hidup singkat lintas-imunitas cukup menjelaskan periodisitas DBD
Nishiura, 2006	Thailand	Model kompartmental stokastik pada penyebaran demam berdarah	Konsep-konsep dasar dan diringkas studi terbaru dari model DBD tanpa menelusuri secara detail matematika modelnya
Pongsumpun 2006	Thailand	Model deterministik kompartmental dengan dan tanpa Tempo Inkubasi Eksentrik (TIE)	Dinamika perilaku yang kompleks dari penduduk terjadi ketika variasi bermusim dari nyamuk TIE
Husin, dkk, 2006	Malaysia	Model Jaringan Syaraf Tiruan, Model Markov Tersembunyi dan Model Regresi untuk wabah demam berdarah	Model Jaringan Syaraf Tiruan adalah model yang paling dapat dipercaya atas dua model lain untuk memprediksi penyebaran wabah

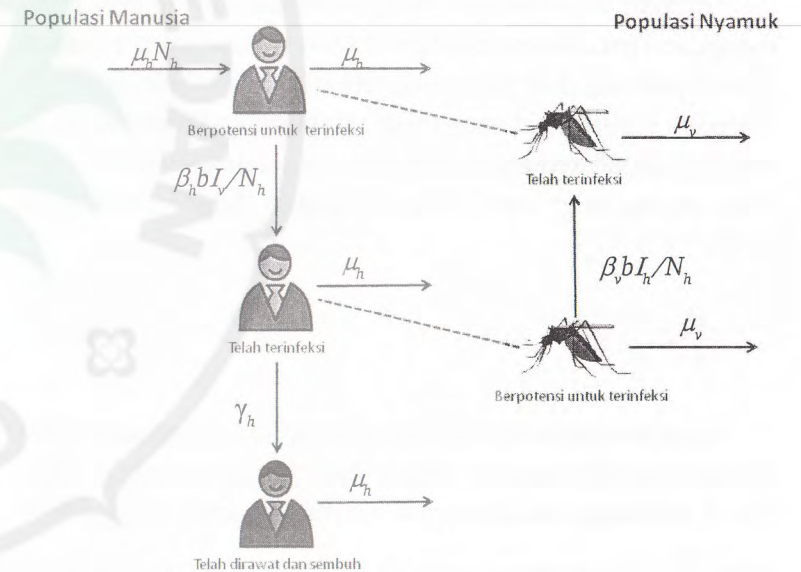
Soewono, 2006	Tidak ada	Model deterministik dua dimensi untuk pengantaran wabah DBD	Model ini representasi yang baik untuk simulasi jangka pendek dari situasi nyata
Yacob, 2007	Tidak ada	Model deterministik untuk pengantaran dari demam berdarah tanpa kekebalan	Jika tidak ada kekebalan setelah sembuh dari penyakit, model dikurangkan menjadi persamaan dua dimensi
Rizam, 2008	Tidak ada	Model deterministik dalam dinamika penularan penyakit	Dua model yang ketat dianalisis untuk memperoleh wawasan dinamika kualitatif penularan demam berdarah

### 3.2 Model SIR

Perubahan yang terjadi pada setiap grup manusia dan nyamuk dapat didefinisikan dalam bentuk diagram seperti Gambar 3.1. Soewono, 2006

Untuk membuat pemodelan interaksi *Host-Vector* berdasarkan kepada asumsi pada faktor yang mempengaruhi laju perubahan jumlah *host* yang mudah tertular terhadap waktu yang merupakan jumlah kelahiran populasi *host* yaitu  $\mu_h N_h$ , jumlah *host* yang telah tertular yaitu  $\frac{b\beta_h}{N_h} I_v S_h$  dengan  $b\beta_h$  adalah kadar hubungan yang meliputi manusia kepada vektor dengan mempertimbangkan peluang penularan dari individu yang

telah ditulari oleh nyamuk yang berpotensi untuk ditulari,  $\beta_h$  dan rata-rata gigitan nyamuk yang berpotensi untuk ditulari,  $b$ . Juga kematian dari *host* yang bisa menjadi terinfeksi yaitu  $\mu_h S_h$  pada waktu yang sama dapat didefinisikan sebagaimana persamaan (3.1).



Gambar 3.1 Diagram populasi manusia dan vektor model SIR.

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h \tag{3.1}$$

Demikian juga laju perubahan jumlah *host* yang tertular terhadap waktu bergantung kepada jumlah populasi *host* yang telah tertular, jumlah kematian populasi *host* yang tertular  $\mu_h I_h$ , dan jumlah populasi *host* yang sembuh dari

infeksi yaitu  $\gamma_h I_h$  dalam waktu yang sama dapat dituliskan seperti persamaan (3.2).

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \quad (3.2)$$

Jumlah populasi *host* yang sehat kembali,  $R_h$  juga akan mengalami perubahan sesuai perubahan waktu. Laju perubahan jumlah populasi *host* yang pulih terhadap waktu adalah selisih daripada jumlah *host* yang telah sembuh dari jangkitan  $\gamma_h I_h$  dengan jumlah kematian pada *host* yang sehat kembali,  $\mu_h R_h$  pada waktu yang sama yang dituliskan dalam persamaan (3.3).

$$\frac{d}{dt} R_h = \gamma_h I_h - \mu_h R_h \quad (3.3)$$

Laju perubahan jumlah populasi nyamuk yang terinfeksi terhadap waktu adalah selisih dari jumlah nyamuk yang ada  $N_v$  terhadap jumlah populasi nyamuk yang telah tertular yaitu  $\frac{b\beta_v}{N_v} I_h S_v$  dengan  $b\beta_v$  adalah kadar hubungan yang mencukupi dari vektor kepada manusia dengan mengira kemungkinan wabah dari nyamuk yang telah dituliri kepada manusia yang berpotensi untuk dituliri virus,  $\beta_v$ , dan rata-rata gigitan nyamuk yang telah dituliri,  $b$ . Juga jumlah kematian dari populasi nyamuk yang *susceptible* yaitu  $\mu_v S_v$  pada waktu yang sama didefinisikan dalam persamaan (3.4).

$$\frac{d}{dt} S_v = \mu_v N_v - \frac{\beta_v b}{N_v} I_h S_v - \mu_v S_v \quad (3.4)$$

Sedangkan laju perubahan jumlah populasi nyamuk yang tertular terhadap waktu yaitu selisih daripada jumlah nyamuk yang telah tertular  $\frac{b\beta_v}{N_v} I_h S_v$  terhadap jumlah kematian populasi nyamuk yang tertular yaitu  $\mu_v I_v$  pada waktu yang sama juga didefinisikan ke dalam persamaan (3.5).

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v \quad (3.5)$$

Gambar 3.1 akan menjadi acuan dalam membuat model SIR.

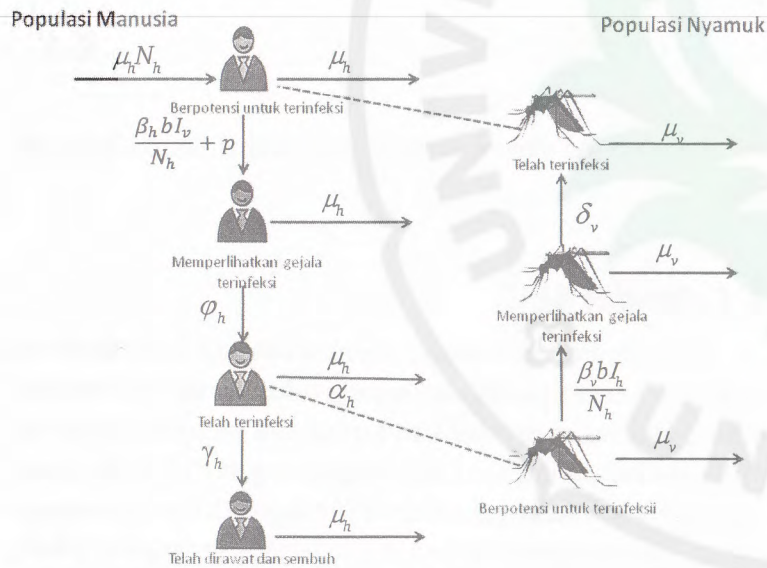
### 3.3 Model SEIR

Saat ini polusi semakin meningkat dan berkelanjutan sehingga menjadi peringatan kepada seluruh negara di belahan dunia. Hal ini menyebabkan terjadinya pemanasan global hingga terjadi perubahan iklim. Negara-negara di Asia Tenggara, khususnya Indonesia juga merasakan dampak dari pemanasan global. Musim penghujan hampir terjadi sepanjang tahun, akibatnya penyakit yang biasanya muncul setelah musim hujan tidak lagi dapat diprediksi seperti penyakit demam berdarah. Penyakit demam berdarah di propinsi Sulawesi Selatan menjadi ancaman serius untuk lebih dari tujuh juta penduduk, ditambah lagi kurangnya kesadaran masyarakat tentang pentingnya kesehatan, sehingga perlu mendapat perhatian dari pihak pemerintah, khususnya kementerian kesehatan (Tribun, 2010).

Oleh karena itu, model *host-vector* untuk penularan demam berdarah memerlukan satu tambahan variabel untuk meleng-

kapi model SIR yaitu variabel manusia dan nyamuk yang memperlihatkan gejala terinfeksi.

Perubahan yang terjadi pada setiap grup manusia dan nyamuk dapat didefinisikan dalam bentuk skema seperti Gambar 3.2.



Gambar 3.2. Diagram populasi manusia dan vektor model SEIR.

Sama halnya dengan model SIR, model ini juga mempunyai dua faktor utama yang menyebabkan demam berdarah yaitu nyamuk sebagai vektor dan manusia sebagai *host*, yang berbeda dengan model SIR adalah model SEIR membagi populasi manusia  $N_h$  kepada empat grup yaitu manusia yang berpotensi untuk terinfeksi virus demam berdarah,  $S_h$ , manusia yang memperlihatkan gejala ditulari virus demam berdarah,  $E_h$ ,

manusia yang telah terinfeksi virus demam berdarah,  $I_h$ , dan manusia yang telah sembuh,  $R_h$ . Populasi vektor atau nyamuk,  $N_v$ , dibagi menjadi tiga grup yaitu nyamuk yang berpotensi untuk terinfeksi virus,  $S_v$ , nyamuk yang memperlihatkan gejala terinfeksi,  $E_v$ , dan nyamuk yang telah terinfeksi virus,  $I_v$  (Ang & Li, 1999).

Dalam kajian ini, diasumsikan bahwa terdapat manusia dalam populasi ini yang telah ditulari virus tetapi belum dapat menularkan ke manusia lain, tetapi mampu menyebabkan penularan virus, diandaikan juga bahwa populasi nyamuk adalah konstan. Setiap manusia dan nyamuk dikategorikan dalam satu grup saja pada satu waktu. Setiap manusia dalam grup  $S_h$  mempunyai kemungkinan untuk memperlihatkan gejala terinfeksi virus demam berdarah pada kadar  $\frac{\beta_h b I_v}{N_h} + p$ .  $\beta_h b$  adalah kadar hubungan yang meliputi manusia ke vektor dengan mengandaikan kemungkinan penularan dari individu yang telah ditulari nyamuk berpotensi untuk ditulari,  $\beta_h$  persentase nyamuk yang tertular,  $p$  dan rata-rata gigitan nyamuk yang berpotensi untuk ditulari adalah  $b$ . Sedangkan kadar untuk manusia yang terinfeksi oleh penularan virus demam berdarah disimbolkan dengan  $\phi_h$ .

Apabila manusia telah ditulari dengan virus demam berdarah, mereka akan diberikan perawatan. Dalam hal ini, diandaikan bahwa setiap manusia yang dirawat akan menjadi kebal sepanjang hidupnya sehingga tidak lagi tertular penyakit demam berdarah. Ini disebabkan karena belum ada vaksin spesifik yang mampu melawan virus demam berdarah. Kadar manusia yang sembuh dari penularan virus disebabkan perawatan yang diberikan

atau pun laju jangka waktu penularan dalam tubuh individu disimbolkan dengan  $\gamma_h$ . Perubahan untuk grup  $S_v$  menunjukkan bahwa setiap nyamuk mempunyai kemungkinan untuk ditulari oleh virus demam berdarah dengan laju  $\frac{\beta_v b I_h}{N_h}$ .  $\beta_v b$  adalah laju hubungan yang memenuhi antara vektor kepada manusia dengan mengasumsikan kemungkinan penularan nyamuk yang telah menulari manusia yang berpotensi untuk ditulari virus,  $\beta_v$  dan  $b$  rata-rata gigitan nyamuk yang telah ditulari. Sedangkan laju nyamuk yang terinfeksi kepada penularan virus adalah  $\delta_v$ . Setiap grup manusia dan nyamuk akan berkurang disebabkan kematian secara alami,  $\mu_h$  dan  $\mu_v$ . Untuk grup manusia yang telah ditulari, terdapat kematian yang disebabkan oleh penyakit demam berdarah itu sendiri dengan kadar  $\alpha_h$ . Gambar 3.2 akan menjadi acuan dalam membuat model SEIR.

### 3.4 Fungsi Lyapunov

Penyelesaian model SIR dan SEIR untuk epidemic penyakit demam berdarah tersebut wajib dilakukan. Tetapi model SIR dan SEIR yang merupakan bentuk system persamaan diferensial tidak mudah diperoleh dengan metode analisis, khususnya sistem persamaan tak linier. Metode pelinearan pun sangat sulit untuk model ini disebabkan system yang berdimensi lima dan berdimensi tujuh, sehingga parameter yang digunakan cukup banyak. Metode yang paling sesuai untuk persamaan non-linear multidimensi adalah metode fungsi Lyapunov. Metode ini akan menganalisis titik-titik kesetimbangan dari model yaitu penyelesaian positif dari model, kestabilan global

bebas penyakit dan kestabilan global endemik sehingga membantu penyelesaian model dimana Metode Lyapunov ini menghasilkan teorema mengenai analisis tersebut (Korobeinikov, 2004).

### 3.5 Metode Semi Analitik

Untuk mengetahui atau mengidentifikasi jumlah populasi manusia yang terinfeksi oleh nyamuk, begitu juga jumlah nyamuk yang dapat menularkan demam berdarah pada manusia, model matematik yang telah dibuat harus diselesaikan. Model yang dibangun kali ini berbentuk sistem persamaan diferensial yang mana penyelesaian dari sistem persamaan ini sangat sukar diselesaikan. Dalam menyelesaikan sistem persamaan diferensial ini, banyak peneliti menggunakan metode numerik untuk menyelesaikan persamaan. Ini dikarenakan penggunaan metode ini lebih baik. Biasanya, penyelesaian aproksimasi hanya dapat diperoleh melalui integral secara numerik, teknik perturbasi, transformasi khusus, pelinearan atau pendiskritan. Walaupun metode pengintegralan secara numerik lebih fleksibel dibandingkan dengan metode-metode analisis, tetapi ada juga kelemahannya. Metode tersebut peka terhadap pilihan langkah waktu untuk bisa memperoleh penyelesaian yang lebih tepat (Yamaguti & Ushiki 1981).

Sekarang ini, para peneliti telah menggunakan metode numerik dan analisis untuk membangun dan memperbaiki metode analisis yang telah ada. Diantaranya adalah: Metode Numerik Pad'e (MNP) (Rus & Villatoro 2007), Metode Iterasi Variasi (MIV) (Biazar dkk. 2010; Wazwaz 2007; Slota dan Zielonka 2008; Molliq dkk 2009; Sevimlican 2010), Metode Transformasi Diferensial (MTD) (Al-Sawalha dan Noorani 2009), Metode

Analisis Homotopi (MAH) (Abdulaziz dkk. 2008; Alomari dkk. 2008, 2009; Abbasbandy 2009) dan Metode Perturbasi Homotopi (KPH) (Abbasbandy 2006; Abdulaziz dkk. 2008).

Buku ini terfokus pada penggunaan empat metode, yaitu: MIV, MPH dan MAH. MIV diperkenalkan pertama kali oleh He pada tahun 1997. Penentuan pekali Lagrange diperlukan dalam MIV untuk melakukan iterasi dan iterasi pertama diawali oleh aproksimasi awal yang mana dapat dipilih secara sembarang. Sedangkan MPH juga diperkenalkan pertama kali oleh He pada tahun 1999. Pada MPH, pendekatan polynomial He digunakan dalam perhitungannya. MAH diperkenalkan pertama kali oleh Liao dalam disertasi S3nya pada tahun 1992. MIV, MPH dan MAH telah terbukti berhasil menyelesaikan berbagai jenis system persamaan diferensial tak linear seperti, Molliq dkk di tahun 2009 sampai 2013 telah menggunakan dan memodifikasi MIV untuk mendapatkan penyelesaian secara numerik dari berbagai masalah dalam persamaan diferensial. Wu, dan Baleanu di tahun 2013 memperoleh solusi pendekatan pada persamaan diferensial untuk persamaan perbedaan pecahan- $q$  menggunakan MIV sedangkan Khodadodi dan Celik pada tahun 2013 menggunakan MIV untuk mencari solusi pendekatan untuk persamaan diferensial pecahan kabur dengan ketidakpastian. Elbeleze dkk. gunakan MPH untuk mendapatkan solusi pendekatan untuk persamaan Black-Scholes Eropa dengan harga opsi 6 pecahan dengan pendekatan transformasi Sumudu dan Samaee dkk. menemukan solusi analitik dan numerik untuk persamaan radius kelengkungan balok menggunakan MPH dan metode perturbasi parameter. Untuk mendapatkan penyelesaian yang lebih akurat lagi Metode dekomposisi Adomian multistage (MDAM) yang diperkenalkan

oleh Noorani dkk. pada tahun 2007 akan digunakan dalam bagian buku ini. Cara penyelesaian dengan MDAM sangat akurat dan bisa memperoleh penyelesaian hingga waktu yang lama dan dengan menggunakan iterasi singkat. Perhitungan solusi model yang digunakan akan dihitung menggunakan software Maple yang sangat power. Sebagai pembanding, metode Runge Kutta-4 (RK-4) akan digunakan.