

LAPORAN AKHIR TAHUN I
PENELITIAN FUNDAMENTAL



SOLUSI NUMERIK PEMODELAN MATEMATIKA SIR DAN SEIR UNTUK
PENULARAN DEMAM BERDARAH DENGAN METODE SEMI ANALITIK DI
SULAWESI SELATAN

Tahun ke satu dari rencana 2 tahun

YULITA MOLLIQ RANGKUTI, SSi, MSc, PhD/NIDN: 0022017604

SYAFRUDDIN SIDE, SSi, MSi/NIDN: 0002027204

Dibiayai oleh Dersentralisasi DP2M,
Nomor 020A/UN33.8/KEP/KU 2013, tanggal 01 Maret 2013

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM/ MATEMATIKA
UNIVERSITAS NEGERI MEDAN

Desember, 2013

HALAMAN PENGESAHAN

Judul Kegiatan : Solusi Numerik Pemodelan Matematika SIR dan Seir Untuk Penularan Demam Berdarah Dengan Metode Semi Analitik di Sulawesi Selatan

Peneliti / Pelaksana

Nama Lengkap : YULITA MOLLIQ RANGKUTI M.Sc. Ph.D
NIDN : 0022017604
Jabatan Fungsional :
Program Studi : Matematika
Nomor HP : 081269589159
Surel (e-mail) : molliq_math_unimed@yahoo.com

Anggota Peneliti (1)


Nama Lengkap : SYAFRUDDIN SIDE S.Si., M.Si.
NIDN : 0002027204
Perguruan Tinggi : UNIVERSITAS NEGERI MAKASSAR

Institusi Mitra (jika ada)

Nama Institusi Mitra :
Alamat :
Penanggung Jawab :
Tahun Pelaksanaan : Tahun ke 2 dari rencana 2 tahun
Biaya Tahun Berjalan : Rp. 30.000.000,00
Biaya Keseluruhan : Rp. 100.000.000,00

Mengetahui
Dekan

Medan, 9 - 12 - 2013,
Ketua Peneliti,

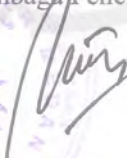

(Prof. Drs. Motlan, MSc, PhD)

NIP/NIK 195908051986011001


(YULITA MOLLIQ RANGKUTI M.Sc.
Ph.D)

NIP/NIK 197601222009122001

Menyetujui,
Ketua Lembaga Penelitian


(Prof. Drs. Manihar Situmorang, MSc, PhD)

NIP/NIK 196008041986011001

RINGKASAN HASIL PENELITIAN

Epidemik demam berdarah merupakan epidemic yang selalu menyerang ketika perubahan cuaca terjadi yaitu perubahan dari musim panas ke musim hujan. Dalam penelitian ini, untuk mengetahui jumlah host (manusia) yang terinfeksi epidemic, jumlah host yang sembuh kembali, jumlah nyamuk yang menjadi tersangka, jumlah host yang memperlihatkan gejala terjangkit virus denggi dan jumlah manusia yang berpotensi terjangkit virus denggi, penyebaran epidemic demam berdarah dimodelkan dengan menggunakan model Susceptibles, Infectives Removed (SIR) dan Susceptibles Exposed Infectives Removed (SEIR). Dalam pemodelan ini, laju perubahan host yang mudah tertular, host yang sudah tertular, dan host yang pulih dimodelkan dengan model SIR. Sedangkan untuk memodelkan laju perubahan jumlah host yang berpotensi untuk terjangkit penyakit deama berdarah, jumlah host yang memperlihatkan gejala terjangkit, jumlah host yang sudah sembuh, jumlah nyamuk ini dimodelkan dengan model SEIR. Disini, metode Runge Kutta order ke-4 (RK4) dipilih sebagai penyelesaian eksakbagi system persamaan taklinier. Untuk memperoleh jumlah host tersebut, digunakan metode semi- analitik yaitu Metode iterasi variasi (MIV), Metode perturbasi homotopi (MPH), Metode Analisis Homotopi (MAH) dan Metode Dekomposisi Adomian Multistage (MDAM) diaplikasikan. MIV merupakan metode yang dijalankan secara iterasi. Pekali Lagrange ditentukan terlebih dahulu dan perhitungan diawali dengan aproksimasi awal dimana ditentukan dari nilai awal. Sedangkan, MPH adalah metode yang dijalankan secara iterative juga namun ada pendekatan polynomial He di dalam perhitungannya. MAH juga dijalankan secara iterative yang berdasarkan homotopy theory dan terdapat pemilihan parameter tambahan h . Metode terakhir, MDAM dijalankan secara bertahap dengan membagi interval waktu sebanyak n dan diadopsikan polynomial Adomian sebagai pendekatannya. Untuk mempermudah perhitungan, paket MAPLE digunakan. Dari perhitungan yang dibuat dan penyelesaian yang diperoleh, dari hasil, MDAM merupakan metode terbaik dalam menyelesaikan model penyebaran wabah denggi dibandingkan ketigatiga metode yaitu MPH, MAH dan MIV

PRAKATA

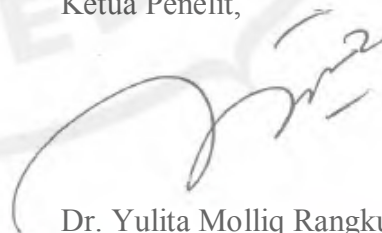
Puji syukur kehadirat Tuhan Yang Maha Kuasa, Laporan pertama dari penelitian fundamental dengan judul: **Solusi Numerik Pemodelan Matematika SIR dan SEIR untuk Penularan Demam Berdarah dengan Metode Semi Analitik di Sulawesi Selatan** dapat terselesaikan atas kerjasaman dari ketua dan wakil ketua dari Universitas Negeri Medan (UNIMED) dan universitas Negeri Makasar (UNM)

Adapun isi laporan kemajuan ini antara lain membicarakan tentang skema pembangunan model Susceptible, infected, Recovery (SIR) untuk penyakit demam berdarah. Begitu juga, pembangunan model SEIR untuk penyakit tersebut. Beberapa metode semi analitik telah digunakan untuk menyelesaikan model SIR ini sehingga hasil dari metode iterasi variasi (MIV), metode perturbasi homotopi (MPH) dan metode runge kutta order 4 telah digunakan sebagai dasar nilai untuk model SIR, Ditunjukkan juga metode mana yang lebih akurat untuk kasus ini jika dilihat dari interval waktu yang bervariasi. Luaran-luaran juga ditunjukkan untuk mendukung penelitian ini. Dan tak lupa, rencana yang akan datang juga dituliskan sbagai acuan akhir penelitian fundamental kin

Dengan ditulisnya laporan ini, diharapkan dapat meningkatkan wawasan serta hasanah para pembaca penelitian fundamental ini. Perlu kami sampaikan bagi para pembaca penelitian ini telah didanai oleh Desentralisasi DP2M dengan nomor 020A/UN33.8/KEP/KU 2013 untuk jangka dua tahun. Kami selalu memberikan yang terbaik untuk Bangsa dan para pembaca.

Medan, 9 Desember 2013

Ketua Penelit,



Dr. Yulita Molliq Rangkuti, MSc
NIP. 197601222009122001

THE
Character Building
UNIVERSITY

DAFTAR ISI

HALAMAN PENGESAHAN		i
RINGKASAN HASIL PENELITIAN		ii
PRAKATA		iii
DAFTAR ISI		iv
DAFTAR TABEL		
Tabel 1	Galat Mutlak dari penyelesaian MIV dan MPH yang dibandingkan kepada RK4 dengan $h=0:001$	34
Tabel 2	Galat Mutlak dari penyelesaian MAH dan MDAM yang dibandingkan kepada RK4 dengan $h=0:001$	34
DAFTAR GAMBAR		
Gambar 1	Jumlah kasus demam berdarah yang dilaporkan di Sulawesi Selatan tahun 2008	2
Gambar 2	Skema dari Model SIR	7
Gambar 3	Skema dari Model SEIR	8
Gambar 4	Fishbone dari Penelitian	17
Gambar 5	skema populasi manusia dan vector untuk model SIR	18
Gambar 6	skema untuk populasi manusia dan vector bagi model SEIR	21
Gambar 7	Penyelesaian hampiran antara iterasi ke-2 dari MIV, term ke-2 dari MPH dan RK4 dengan $\Delta t = 0.001$ untuk kasus; (a) jumlah manusia yang rentan, (b) jumlah Manusia terinfeksi (c) Jumlah nyamuk terinfeksi	32 22
Gambar 8	Penyelesaian Aproksimasi dari MIV Iterasi ke 10, MPH Term Ke-10 dan RK4 untuk Interval Waktu $0 \leq t \leq 13$	33
Gambar 9	Jumlah penyebaran penyakit demam berdarah untuk; (a) $x(t)$, (b) $y(t)$, (c) $z(t)$ yang dihasilkan menggunakan MPH, MDAM dan RK4	35
DAFTAR LAMPIRAN		
Lampiran1	Luaran Berupa Publikasi	40
Lampiran 2	Luaran berupa artikel yang telah disubmit ke ITB journal of science	40
Lampiran 3	Bukti status <i>submission</i> ke ITB Journal of Science	46
Lampiran 4	Luaran berupa Presentasi di EASIAM-CIAM, Bandung 18-20 Juni 2013	53
Lampiran 5	Luaran berupa status review dari reviewer dari ITB journal of Science	54
Lampiran 6	Bukti status <i>submission</i> ke Journal of Applied Mathematics	55
Lampiran 7	Luaran berupa artikel yang telah disubmit ke Journal of Applied Mathematics	56

BAB I	PENDAHULUAN	1
	1.1 Kasus Demam Berdarah di Sulawesi Selatan	3
	1.2 Penjangkitan Penyakit Demam Berdarah	3
	1.4 Sejarah Pemodelan Matematika Untuk Penyakit Demam Berdarah	4
	1.4 Metode semi Analitik	5
BAB II	TINJAUAN PUSTAKA	7
	2.1 Model Epidemik Susceptible, Infected and Recovery (SIR)	7
	2.2 Model Epidemik Susceptible, Exposed, Infected and Recovery (SEIR)	8
	2.3 Prosedur Penyelesaian	9
	2.4 Metode Perturbasi Homotopi (MPH)	9
	2.5 Metode Iterasi Variasi (MIV)	10
	2.6 Metode Analisis Homotopi (MAH)	11
	2.7 Metode Dekomposisi Adomian Multistage (MDAM)	12
BAB III	TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN	15
BAB IV	METODE PENELITIAN	16
BAB V	HASIL DAN PEMBAHASAN	18
	5.1 Pembentukan Model SIR	18
	5.2 Pembentukan Model SEIR	18
	5.3 Pengaplikasian MIV untuk Model SIR dari Penyebaran Demam Berdarah	21
	5.4 Pengaplikasian MPH untuk Model SIR dari Penyebaran Demam Berdarah	24
	5.5 Pengaplikasian MAH untuk Model SIR dari Penyebaran Demam Berdarah	28
	5.6 Pengaplikasian MDAM untuk Model SIR dari Penyebaran Demam Berdarah	30
	5.7 Hasil dan Diskusi	31
BAB VII	KESIMPULAN DAN SARAN	36
	DAFTAR PUSTAKA	37
	LAMPIRAN-LAMPIRAN	40
	FOTOCOPY KONTRAK PENELITIAN	78

INSTRUMEN PENELITIAN

80

FOTO DOKUMENTASI KEGIATAN

81



THE
Character Building
UNIVERSITY

BAB I PENDAHULUAN

Menurut Pusat Pengawas dan Pencegahan Penyakit (CDC) (2008), epidemik demam berdarah telah ada sejak tahun 1779 sampai 1780 di Asia, Afrika dan juga Amerika Utara. Sejauh itu, demam berdarah bukan merupakan penyakit yang serius dan tidak menyebabkan kematian, yang mana epidemik terjadi dalam 10 sampai 40 tahun saja. Setelah perang dunia kedua, epidemik pertama yang terbesar terjadi di Asia Tenggara dan mulai menyebar dan meluas. Sekitar tahun 1950, epidemik demam berdarah pertama kali dikenal dan kemudian menjadi satu penyebab utama manusia dirawat di rumah sakit dan menjadi sumber kematian di kalangan anak-anak.

Organisasi Kesehatan Sedunia (WHO) (2009) menyatakan bahwa setiap tahun diperkirakan sebanyak 50 sampai 100 juta kasus demam berdarah terjadi di seluruh dunia. Sekitar 500,000 orang diperkirakan terinfeksi demam berdarah setiap tahun. Mereka memerlukan perawatan dan penjangkauan yang ketat dari pihak rumah sakit. Kebanyakan dari mereka adalah anak-anak dan 2.5 persen dari mereka akhirnya meninggal. Menurut WHO, ini merupakan suatu jumlah yang besar. Jika tidak ada tindakan yang diambil maka hampir 2.5 ribu juta atau dua per lima dari populasi manusia di seluruh dunia berisiko untuk terinfeksi demam berdarah. Ini disebabkan karena kebanyakan kasus yang terjadi di daerah tropis dan subtropis dan lebih terfokus di daerah perkotaan dan semi-perkotaan karena keadaannya cocok untuk perkembangbiakan nyamuk. Tanpa perawatan yang cocok, peluang kematian untuk demam berdarah dapat meningkat hingga 20 persen, tetapi karena telah mempunyai petunjuk untuk menyelamatkan pasien demam berdarah, presentase ini dapat dikurangi hingga kurang dari 1 persen (WHO 2009).

1.1. Kasus Demam Berdarah di Sulawesi Selatan

Negara Indonesia berada di urutan kedua setelah Thailand (Esteva & Vargas, 1998), bahkan sampai dengan pertengahan Februari 2009 sudah ada 8,386 orang terinfeksi penyakit ini di seluruh Indonesia dengan kematian mencapai 169 orang (Tribun Timur, 2009). Di Sulawesi Selatan, penyakit demam berdarah telah menginfeksi penduduk Sulawesi Selatan pada 22 kabupaten sepanjang tahun 2001 dan tercatat sebanyak 3,887 orang pasien, dengan 73 orang dilaporkan meninggal (Antara, 28 Maret 2002). Menurut laporan dari KKRI tahun 2003, jumlah kasus demam berdarah untuk 26 kabupaten, sebanyak 2,636 orang terjangkiti dengan kematian 39 orang (*Case Fatality Rate* (CFR) = 1.48 persen), di samping itu, jumlah kejadian luar biasa sebanyak 82 kasus dengan jumlah kasus sebanyak 495 orang terjangkiti dengan kematian 19 orang (CFR=3.84 persen). Jika dibandingkan dengan kejadian luar biasa demam berdarah tahun 2002, maka jumlah kasus mengalami peningkatan sebesar 1.60 kali, jumlah korban meningkat sebesar 4.21 kali dan jumlah kematian meningkat 1.97 persen, sedangkan pada tahun 2004, telah dilaporkan kasus demam berdarah sebanyak 2,598 kasus (termasuk data Sulawesi Barat) dengan kematian 19 orang (CFR=0.7 persen). Dari kasus tersebut telah dilakukan pencegahan dengan penyemprotan, Pemusnahan Sarang Nyamuk (PSN) termasuk abatisasi. Kasus penjangkitan biasanya berlangsung antara Januari hingga April, Juni, Oktober dan Desember (memasuki musim hujan). Jumlah kasus tertinggi terjadi di Kota Makassar, Gowa dan Baru. Untuk tahun 2005, jumlah kasus penjangkitan demam berdarah yang dilaporkan sebanyak 2,975 dengan kematian 57 orang (CFR=1.92 persen), sedangkan untuk tahun 2006, kasus penjangkitan demam berdarah dapat diturunkan dari 3,164 kasus tahun 2005 menjadi 2,426 kasus (22.6 persen) pada tahun 2006, demikian pula angka kematian dari 1.92 persen turun menjadi 0.7 persen pada tahun 2006, dengan usia penduduk yang paling banyak terinfeksi adalah usia anak sekolah (5-14 tahun) sebanyak 55

1.2. Penjangkitan Demam Berdarah

Penyakit demam berdarah adalah penyakit yang disebabkan oleh Virus daripada genus *Togaviridae*, subgenus *Flavivirus*. Virus yang dimaksud ditularkan ke dalam tubuh manusia melalui gigitan nyamuk yang berperan sebagai vektor. Salah satu ciri dari nyamuk *Aedes* pada penyebaran demam berdarah adalah adanya gigitan berulang. Gigitan yang dimaksud akan menularkan virus melalui liurnya, sehingga orang yang sehat menjadi terinfeksi dan setiap nyamuk dapat menulangi beberapa orang sekaligus (Gatra 2003). Virus ini berada di dalam darah manusia antara 3 sehingga 15 hari dan pada masa itulah penderita berpeluang menjadi sumber penularan dengan masa inkubasi (sejak digigit sehingga timbul gejala) penyakit ini berlangsung selama dua minggu. Masa hidup untuk nyamuk *Aedes betina* adalah di antara 10 hingga 52 hari dan rata-rata hidup nyamuk ini ialah 31 hari dengan jarak terbang 100-200 meter (Tribun Timur 2004).

Demam berdarah terjadi disebabkan oleh empat jenis virus *serotype* yang berkait rapat atau boleh dikatakan di dalam suatu keluarga iaitu virus 1 (DEN1), virus 2 (DEN2), virus 3 (DEN3) dan virus 4 (DEN4). Ia disebarkan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* yang telah dijangkiti virus ini. Menurut WHO (2008), nyamuk *Aedes albopictus* juga merupakan nyamuk yang boleh menyebarkan virus denggi ini. Kewujudan nyamuk *Aedes albopictus* ini telah dikenal di sekitar Asia sejak belakangan ini. Namun, nyamuk *Aedes aegypti* masih merupakan vektor utama yang menyebabkan penjangkitan virus berdarah di Asia Tenggara pada umumnya dan di Indonesia khususnya.

Sejauh ini, tidak ada lagi vaksin yang khusus untuk mengobati penyakit demam berdarah ini (Mohd Rizam et al. 2008). Perawatan yang diberi di rumah sakit hanyalah mengurangkan rasa sakit yang dialami oleh penderita dengan memastikan aliran darah dalam badan penderita berjalan dengan benar seperti memastikan demam yang dialami tidak berlangsung lama. Sekiranya penderita sembuh dari satu jenis virus *serotype* ini, ia hanya kebal terhadap jenis virus itu saja tetapi hanya setengah kebal terhadap jenis virus yang lain. Tambahan lagi, belum ada vaksin yang dapat menyebabkan penderita demam berdarah kebal terhadap semua jenis virus ini.

Fenomena yang menarik dalam penyebaran demam berdarah pada masa ini adalah adanya perpindahan umur penderita. Demam berdarah sebelumnya banyak dijumpai pada anak-anak usia sekolah dasar, tetapi saat ini justru banyak menyerang manusia dalam segala lapisan umur (Usman Pagalay 2003). Tingkat kematian dari virus ini dapat mencapai 40 persen dari penderita, sehingga ini merupakan ancaman yang berbahaya bagi sekitar 2,5 milyar penduduk yang ada di seluruh dunia, khususnya penduduk di negara-negara tropis dan subtropis.

Cara pencegahan yang dilakukan hingga saat ini adalah dengan membersihkan bak mandi seminggu sekali, menutup tempat air bersih, mengganti air di vas setiap hari, membuang plastik dan barang-barang bekas pada tempatnya dan pengasapan atau abatisasi, serta pemberantasan sarang nyamuk dan penyuluhan. (Fajar 2004). Beberapa faktor penyebab demam berdarah diantaranya karena peningkatan kasus di daerah endemis, beberapa tempat yang selama ini *sporadis* terjadi Kejadian Luar Biasa (KLB) di Sulawesi Selatan, barangkali termaksud dengan pola musiman 3-5 tahunan, kemudian bila dilihat dari hasil PJB, angka bebas jentik (ABJ) di beberapa daerah endemik masih di bawah 95% (tahun 2004 ABJ sebesar 92%), di tahun 2006, ABJ sebesar 68.48%, pada tahun 2007 ABJ tercatat 65.21% dan untuk tahun 2008 ini ABJ meningkat menjadi 68.90%. (Sudarianto 2010)

Meskipun semua kasus demam berdarah muncul di negara tropis, tidak tertutup kemungkinan dapat juga terjadi di negara-negara beriklim dingin. Hal ini disebabkan terjadinya pemanasan global yang mengubah suatu wilayah daripada habitat yang tidak sesuai untuk nyamuk *Aedes* menjadi habitat yang sesuai. Perilaku dinamik dari demam

berdarah dapat di tinjau secara matematik dengan memperhatikan berbagai hal yang terlibat. Permodelan matematik dan kaedah dinamik tak linear digunakan dalam membandingkan, merancang, melaksanakan, menilai dan mengoptimumkan berbagai pengidentifikasian, pencegahan, terapi, dan program pengontrolan. Oleh karena itu, model matematik bisa menjadi alat yang berguna untuk lebih memahami mekanisme yang membenarkan penyebaran wabah demam berdarah dan untuk meningkatkan kecepatan strategi kontrol pada nyamuk (vektor).

1.3. Sejarah Perkembangan Pemodelan Matematika Untuk Penyakit Demam Berdarah

Banyak peneliti tertarik untuk memodelkan laju perubahan dari penyebaran penyakit demam berdarah ini, seperti: Ang (1999) membuat model deterministik kompartmental untuk penyebaran demam berdarah di Singapura. Model yang disajikan berfungsi sebagai dasar teori untuk pengontrol dan pengawasan vektor demam berdarah. Pongsumpun (2001, 2002) menelaah model deterministik kompartmental dengan struktur umur. Penyebaran sekundernya menjelaskan kejadian usia khusus demam berdarah di Cuba dan Thailand. Massad (2001, 2003) mengungkapkan model deterministik kompartmental dengan *yellow fever*. R_0 untuk demam berdarah juga akan menunjukkan potensi penularan *yellow fever* di Brazil. Bartley (2002) membuat model deterministik kompartmental dengan musim dan penyebaran sekunder. Masa untuk puncak tersebar luasnya DD berkaitan dengan penanggulangan dalam sistem. Esteva and Vargas (2003, 2005) mengkaji model deterministik kompartmental dengan dua *serotype* yang mana posisinya berdampingan untuk parameter besar. Derouich (2003) membuat model deterministik kompartmental dengan vaksinasi. Disini, kombinasi ukuran lingkungan dan vaksinasi akan diperlukan sebagai dasar jangka pendek. Nadarajah (2003) membuat model kompartmental stokastik dengan kerapatan tergantung kepada kematian. Simulasi numerik yang diperoleh menunjukkan bahwa kemungkinan koeksistensi menurun dengan cepat. Kawaguchi (2003) mengkaji model deterministik kompartmental dengan alat tambahan gantung kepada antibodi dan dua *serotype*. Di sini, peningkatan kematian mendukung suatu evolusi stabil masyarakat dan memperbolehkan virus berco-sirkulasi. Kemudian, Pongsumpun (2004) membuat model deterministik kompartmental dengan mobile terinfeksi. Jumlah penyebaran demam berdarahnya diperoleh sebagai fungsi dari lamanya waktu tinggal di daerah penuh. Cummings (2005) membuat model deterministik kompartmental dengan alat tambahan tergantung kepada antibody. Disini, Order tinggi dari alat tambahan, memungkinkan kepunahan meningkat. sebaliknya, peningkatan akan memudahkan pengiriman. Su Bee Seng (2005) membuat model Geostatistik untuk analisis dan pemetaan epidemiologi penyakit demam berdarah. Model ini menunjukkan kemampuan suatu sistem pengawasan GIS ditambah dengan memasukkan epidemiologi penyakit dan pendekatan secara geostatistic untuk menyediakan petunjuk yang dapat dipercaya untuk manajemen, pengontrolan penyakit. Favier (2006) membuat model deterministik kompartmental dengan penentuan statistik dari penghentian pertumbuhan secara eksponen. Kapasitas kualitas vektornya dapat memungkinkan wabah demam kuning di Brazil. Derouich dan Boutayeb (2006) membuat model deterministik dengan simulasi komputer. Disimpulkan bahwa management lingkungan hidup tidak cukup dijadikan alat kontrol vektor tetapi hanya dapat digunakan untuk menunda munculnya wabah. Wearing (2006) membuat model kompartmental stokastik hibrida dengan alat tambahan yang bergantung kepada antibodi dan *serotype*. Dengan alat tambahan ini, masa hidup singkat lintas-imunitas cukup menjelaskan periodisitas DBD. Nishiura (2006) membuat model kompartmental stokastik pada penyebaran demam berdarah. Pongsumpun, (2006) membuat model deterministik kompartmental dengan dan tanpa pengaruh Masa Inkubasi Ekstrinsik (MIE). Kesimpulan diperoleh bahwa dinamika perilaku yang kompleks dari

penduduk terjadi ketika variasi pada musim dari nyamuk MIE. Nor Azura Husin, (2006) membuat model jaringan syaraf tiruan, model Markov tersembunyi dan Model Regresi untuk wabah demam berdarah. Dari ketiga model ini, model Jaringan Syaraf Tiruan adalah model yang paling dapat dipercayai dari dua model lain untuk memprediksi penyebaran wabah. Edy Soewono (2006) membuat model deterministik dua dimensi untuk penyebaran wabah demam berdarah. Model ini baik untuk simulasi jangka pendek dari situasi nyata. Yusuf Yacob (2007) membuat model deterministik untuk penyebaran demam berdarah tanpa kekebalan. Mohd Rizam (2008) membuat model deterministik dalam dinamika penularan penyakit. Disini, dua model dianalisis untuk memperoleh wawasan dinamika kualitatif penularan demam berdarah. Nor Aishah (2009) membuat model deterministik dalam penularan demam berdarah. Penyebaran virus demam berdarah di Selangor mengambil waktu yang singkat untuk mencapai tahap maksimum.

1.4 Metode Semi Analitik

Untuk mengetahui atau mengidentifikasi jumlah populasi manusia yang terinfeksi oleh nyamuk, begitu juga jumlah nyamuk yang dapat menjangkiti demam berdarah pada manusia, model matematik yang telah dibuat harus diselesaikan. Model yang dibangun kali ini berbentuk system persamaan diferensial yang mana penyelesaian dari system persamaan ini sangat sukar diselesaikan. Dalam menyelesaikan system persamaan diferensial ini, banyak peneliti menggunakan metode numerik untuk menyelesaikan persamaan. Ini dikarenakan penggunaan metode ini lebih berkesan (Jeffrey dan Mohamad 1991; Wang 1988). Biasanya, penyelesaian aproksimasi hanya boleh diperoleh melalui integral secara numerik, tehnik perturbasi, transformasi khusus, penglinearan atau pendiskretan. 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 penelitian 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; Yulita 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).

Penelitian ini juga terfokus kepada penggunaan dua metode, yaitu: Metode Iterasi Variasi (MIV) dan Metode Perturbasi Homotopy (MPH), Metode Analisis Homotopi (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 diperkenalkan 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, yulita Molliq et al. di tahun 2009 sampai 2013 telah menggunakan dan memodifikasi MIV untuk mendapatkan penyelesaian secara numeric dari berbagai masalah dalam persamaan diferensial. Wu, dan Baleanu di tahun 2013 memperoleh solusi pendekatan pada persamaan diferensial untuk persamaan perbedaan pecahan $-q$ menggunakan VIM dan Khodadadi dan Celik pada tahun 2013 menggunakan VIM untuk mencari solusi pendekatan untuk persamaan diferensial pecahan kabur dengan ketidakpastian. Elbeleze et al. digunakan HPM untuk mendapatkan solusi pendekatan untuk persamaan Black-Scholes Eropa dengan harga opsi

pecahan dengan pendekatan transformasi Sumudu dan Samaee et al. menemukan solusi analitik numerik untuk persamaan radius kelengkungan balok menggunakan HPM dan metode perturbasi parameter. Untuk mendapatkan penyelesaian yang lebih akurat lagi Metode dekomposisi Adomian multistage (MDAM) yang diperkenalkan oleh Noorani et al. pada tahun 2007 akan digunakan dalam penelitian ini. Tatacara penyelesaiannya dengan MDAM sangat akurat dan bisa memperoleh penyelesaian sehingga waktu yang lama dan dengan menggunakan iterasi pendek. Dalam penelitian ini, perhitungan akan dihitung menggunakan software Maple yang sangat power. Sebagai pembanding, metode Runge Kutta-4 (RK-4) akan digunakan.



THE
Character Building
UNIVERSITY

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Dalam penelitian tentang penyebaran epidemic penyakit demam berdarah , pendekatan model SIR dan SEIR telah digunakan. Model ini nantinya diharapkan akan dapat mengetahui jumlah host yang terinfeksi epidemic, jumlah host yang sembuh kembali, jumlah nyamuk yang menjadi tersangka, jumlah host yang memperlihatkan gejala terinfeksi virus denggi dan jumlah manusia yang berpotensi tejangkit virus demam berdarah.

2.1. Model Epidemik Susceptible Infected Recovery (SIR)

Model Susceptible Infected Recovery (SIR) pertama kali diperkenalkan oleh Kermack dan Kendrick ditahun 1927. Pada model SIR ini, populasi manusia dibagi menjadi tiga kelompok, yaitu susceptible atau rentan dengan simbol S, infected atau terinfeksi disimbolkan dengan I dan recovery atau pulih disimbolkan dengan R. Jumlah total dari keseluruhan kelompok tersebut adalah $N = S + I + R$. Disini, S atau susceptible dalam pemodelan SIR merupakan individu yang tidak terinfeksi tetapi golongan ini dapat tertular penyakit. Oleh karena itu, golongan ini juga memiliki kemungkinan untuk menjadi terinfeksi (I). I atau infected merupakan individu yang dapat menyebarkan penyakit pada individu yang rentan. Waktu yang diperlukan oleh penderita infeksi penyakit dinamakan periode penyakit, setelah mengalami periode penyakit kemudian individu ini pindah dan menjadi insividu yang sembuh atau recovered. Sedangkan, R atau recovery merupakan individu yang telah sembuh atau kebal dari penyakit.

Model SIR ditulis dalam bentuk persamaan diferensial biasa. (PDB), yang merupakan salah satu bagian model deterministik, dengan waktu kontinu. Analogynya hampir sama dengan reaksi kinetik, dimana dapat diasumsikan perubahan individu terinfeksi dan susceptible terjadi dengan laju proposional terhadap terhadap jumlah populasi. Laju perubahan individu terinfeksi baru terdefiniskan sebagai $\alpha SI - \beta I$, dengan α merupakan nilai transmisivitas sedangkan β merupakan nilai laju penyembuhan. Individu yang terinfeksi diasumsikan dapat kembali sembuh dengan probabilitas konstant sepanjang waktu. Yang kemudian berubah secara konstan dengan laju penyembuhan per kapita yang dinotasikan sebagai β dan keseluruhannya disimbolkan sebagai βI . Berdasarkan asumsi ini, maka kita dapat membentuk skema model menjadi sebagai berikut.



Gambar 2. Skema dari Model SIR

Diagram tersebut dapat dibangun dalam persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI \quad (1)$$

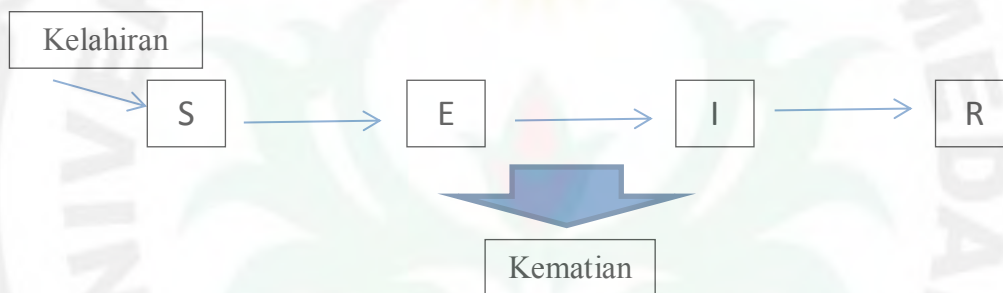
$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta I \quad (3)$$

Persamaan ini menggambarkan mengenai transisi masing-masing individu dari S ke I lalu ke R. Dengan menambahkan ketiga persamaan tersebut persamaan ini dapat ditunjukkan dengan mudah bahwa total populasi adalah konstan.

2.2. Model Epidemik Susceptible Exposed Infected Recovery (SEIR)

Model SIR telah didiskusikan di atas yakni dengan hanya memperhitungkan jenis penyakit yang dapat menginfeksi orang lain setelah mereka terinfeksi. Banyak penyakit memiliki fase laten atau terbuka, dimana individu dikatakan terinfeksi tetapi tidak menular. Contohnya penyakit campak, ada jangka waktu sekitar tujuh sampai delapan hari bahwa seseorang dikatakan terkena, sedangkan virus berkembang biak. Setelah periode ini, individu akan mengalami batuk dan demam ringan. Pada titik ini individu dikatakan terinfeksi dan menular. Dalam kasus seperti itu diperlukan model yang berbeda untuk menggambarkan situasinya, yakni dengan tambahan untuk individu yang terpapar atau laten. Pada bagian ini model SEIR termasuk kelahiran dan kematian akan dijelaskan bersama dengan eksplorasi persamaan diferensial yang menggambarkan aliran dari satu kelas ke yang lain. Aliran model ini dapat dipertimbangkan dalam diagram di bawah ini.



Gambar 3 Skema dari Model SEIR

Dalam model ini populasi (N) dibagi menjadi empat kelas: rentan, terkena, infeksi, dan pulih, dengan jumlah individu dalam kelas, atau kepadatan mereka dilambangkan oleh masing-masing $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, $R(t)$, yaitu:

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t) \quad (4)$$

Sebelum langsung menjelajahi persamaan diperhatikan dinamika kelas rentan ($S(t)$). Pada awalnya, $S(t)$ dianggap seluruh penduduk (N). Dalam kasus seperti populasi $S(t)$ meningkat dengan tingkat kelahiran (α), tetapi menurun dengan kematian satu orang. Tingkat dimana individu mati sama dengan tingkat kematian (μ) kali jumlah individu yang rentan. Setelah kontak dengan individu menular, sebagian kecil dari $S(t)$ bergerak dari kelas rentan terhadap kelas terbuka.

$$\frac{dS}{dt} = \alpha - \beta SI - \mu S \quad (5)$$

Tiga persamaan diferensial berikutnya dapat dilihat dengan cara yang sama, dengan individu memasuki kelas/kompartemen dari sebelumnya, dan meninggalkan kompartemen untuk beralih ke kompartemen berikutnya, atau mati.

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\delta + \mu)E \quad (6)$$

$$\frac{dI}{dt} = \delta E - (\gamma + \mu)I \quad (7)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (8)$$

dimana $t > 0, S(0) = S_0 > 0, E(0) = E_0 > 0, I(0) = I_0 > 0$.

2.3. Prosedur Penyelesaian ODE

Pada penelitian kali ini, dua metode numerik semi analitik akan digunakan untuk menyelesaikan model SIR dan SIER untuk Sulawesi Selatan. Kemudian, kedua penyelesaiannya akan dibandingkan untuk melihat, metode yang mana lebih akurat. Untuk mengerti dasar dari kedua metode, model dipertimbangkan sebagai sistem persamaan differensial biasa order pertama secara umum yang dapat ditulis seperti berikut:

$$\begin{aligned} \frac{du_1}{dt} + g_1(t, u_1, u_2, \dots, u_m) &= f_1(x), \\ \frac{du_2}{dt} + g_2(t, u_1, u_2, \dots, u_m) &= f_2(x), \\ &\vdots \\ \frac{du_m}{dt} + g_m(t, u_1, u_2, \dots, u_m) &= f_m(x), \end{aligned} \quad (9)$$

Bergantung atas kondisi awal

$$u_1(t_0) = c_1, u_2(t_0) = c_2, \dots, u_m(t_0) = c_m. \quad (10)$$

Pertama, tuliskan sistem persamaan tersebut dalam bentuk berikut:

$$\begin{aligned} L(u_1) + N_1(t, u_1, u_2, \dots, u_m) - f_1(x) &= 0, \\ L(u_2) + N_2(t, u_1, u_2, \dots, u_m) - f_2(x) &= 0, \\ &\vdots \\ L(u_m) + N_m(t, u_1, u_2, \dots, u_m) - f_m(x) &= 0, \end{aligned} \quad (11)$$

Bergantung atas pers. (24), dimana $L = \frac{d}{dt}$ adalah operator linier dan adalah operator tak linier. Seksyen berikutnya, akan dipresentasikan pendekatan penyelesaian dari tmodel SIR berdasarkan MIV dan MPH secara terpisah.

2.4. Metode Perturbation Homotopi (MPH)

MPH pertama sekali diperkenalkan oleh He, 1999. Untuk menyelesaikan model SIR dan SEIR menggunakan MPH, pertama, sistem persamaan differential dapat dibentuk yang memenuhi hubungan berikut:

$$Du_i(t) = L_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + N_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + g_i(t), \quad (12)$$

dimana L_i adalah operator linier, N_i adalah operator taklinier dan g_i adalah fungsi analitik yang diketahui.

Dalam pandangan teknik perturbasi homotopi, dibangun bentuk homotopi:

$$Du_i(t) = p[L_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + N_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + g_i(t)], \quad 1 \leq i \leq n, \quad (13)$$

dimana p adalah parameter terbenam yang bertukar dari nol ke uniti. Jika $p = 0$, persamaan (13) menjadi persamaan linier dan v_1, v_2, \dots, v_m adalah aprosimasi awal yang memenuhi kondisi yang diberikan dalam (13). Ini jelas bahwa parameter perturbasi $p = 0$. Persamaan (13) menjadi sistem persamaan linier dan ketika $p = 1$ diperoleh sistem persamaan taklinier. Andaikan aprosimasi awal ditulis seperti berikut:

$$\begin{aligned} u_{1,0}(t) &= v_1(t) = u_1(t_0) = c_1 \\ u_{2,0}(t) &= v_2(t) = u_2(t_0) = c_2 \\ &\vdots \\ u_{m,0}(t) &= v_m(t) = u_2(t_0) = c_m \end{aligned} \quad (14)$$

dan

$$\begin{aligned}
 u_1(t) &= u_{1,0}(t) + pu_{1,1}(t) + p^2u_{1,2}(t) + p^3u_{1,3}(t) + \dots \\
 u_2(t) &= u_{2,0}(t) + pu_{2,1}(t) + p^2u_{2,2}(t) + p^3u_{2,3}(t) + \dots \\
 &\vdots \\
 u_m(t) &= u_{m,0}(t) + pu_{m,1}(t) + p^2u_{m,2}(t) + p^3u_{m,3}(t) + \dots,
 \end{aligned} \tag{15}$$

dimana $u_{i,j}$, ($i=1, 2, \dots, m; j=1, 2, \dots$) adalah fungsi tapi untuk ditentukan. Substitusikan (14) ke dalam (15) dan penyusunan koefisien dari pangkat p , diperoleh

$$\begin{aligned}
 L(u_{1,1}) + L(v_1) + N_1(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_1 &= 0, & u_{1,1}(t_0) &= 0, \\
 L(u_{2,1}) + L(v_2) + N_2(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_2 &= 0, & u_{2,1}(t_0) &= 0, \\
 &\vdots & & \\
 L(u_{m,1}) + L(v_m) + N_m(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_{m_1} &= 0, & u_{m,1}(t_0) &= 0, \\
 L(u_{1,1}) + N_1(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f &= 0_1, & u_{1,2}(t_0) &= 0, \\
 L(u_{2,1}) + N_2(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f &= 0_2, & u_{2,2}(t_0) &= 0, \\
 &\vdots & & \\
 L(u_{m,1}) + N_m(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_m &= 0, & u_{m,2}(t_0) &= 0,
 \end{aligned} \tag{16}$$

dan seterusnya.

Bentuk diatas diselesaikan untuk u_{ij} , ($i=1, 2, \dots, m; j=1, 2, \dots$) unsur tak diketahui menggunakan operator invers

$$L^{-1}(\bullet) = \int_0^t (\bullet) dt. \tag{17}$$

Oleh karena itu, menurut MPH, aproksimasi term ke- n untuk penyelesaian (16) dapat diekspresikan sebagai

$$\begin{aligned}
 \phi_{1,n}(t) &= u_1(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_1(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{1,k}(t) \\
 \phi_{2,n}(t) &= u_2(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_2(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{2,k}(t) \\
 &\vdots \\
 \phi_{m,n}(t) &= u_m(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_m(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{m,k}(t)
 \end{aligned} \tag{18}$$

2.5. Metode Iterasi Variasi (MIV)

Sebelum memperkenalkan MIVM, pertama sekali diperkenalkan metode iterasi variasi (MIV), yang diperkenalkan oleh He di tahun 1997. MIV dikembangkan dari metode pekali langrange umum yang dijalankan secara iterasi. Keutamaan metode ini adalah, penyelesaian secara matematika dengan asumsi pelinieran digunakan sebagai aproksimasi awal, maka aproksimasi yang tepat sekali untuk beberapa titik khusus bisa didapat.

Untuk mengerti dasar konsep dari MIV, pertama dipertimbangkan bentuk persamaan diferensial seperti berikut:

$$Lu + Nu = g(t), \tag{19}$$

dimana L adalah operator linier, N adalah operator tak linier dan $g(t)$ adalah term tak homogen. Menurut MIV, bisa di bentuk suatu fungsi pembetulan sebagai berikut:

$$u_{i,n+1} = u_{i,n} + \int_0^t \lambda(s) [Lu_{i,n} + N\tilde{u}_{i,n} - g(t)] ds, \quad (20)$$

dimana $i = 1, 2, \dots, m$, λ adalah pekali langrange (Inokuti, 1978), yang dapat diidentifikasi menggunakan teori variasi (Finlayson, (1972)), n dinotasikan sebagai aproksimasi ke- n dan $\tilde{u}_{i,n}$ dipertimbangkan sebagai variasi terksekat yaitu $\delta\tilde{u}_{i,n} = 0$. Skema iterasi dalam persamaan (37) akan mendekati penyelesaian eksak untuk $n \rightarrow \infty$ yaitu

$$u_i(t) = \lim_{n \rightarrow \infty} u_{i,n}(t) \quad (21)$$

2.6. Metode Analisis Homotopi

Dipertimbangkan persamaan diferensial berikut:

$$N_i[z_i(t)] = 0, \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (22)$$

Dimana N_i adalah operator linier yang memperlihatkan keseluruhan persamaan, x dan t adalah variable bebas dan $z_i(t)$ adalah fungsi yang tak diketahui. Dengan arti pengeneralan metode homotopi tradisional, Liao (1992) membangun yang disebut persamaan deformasi order nol

$$(1 - q)L[\phi_i(t; q) - z_{i,0}(t)] = q\hbar_i N_i[\phi_i(t; q)], \quad (23)$$

Dimana $q \in [0, 1]$ adalah parameter tertanam, \hbar_i adalah parameter tambahan, L adalah operator linier tambahan, $z_{i,0}(t)$ adalah tebakan awal dari $z_i(t)$ dan $\phi_i(t; q)$ adalah fungsi yang tidak diketahui. Ini penting dicatat bahwa seseorang bias memilih secara bebas objek tambahan seperti \hbar_i dan L dalam MAH. Jelasnya, ketika $q = 0$ dan $q = 1$ kedua-duanya

$$\phi_i(t; 0) = z_{i,0}(t) \text{ and } \phi_i(t; 1) = z_i(t), \quad (24)$$

Terpenuhi. Jadi q menaik dari 0 ke 1, penyelesaian berbagai $\phi_i(t; q)$ dari penaksiran awal $z_{i,0}$ ke penyelesaian $z_i(t)$. Ekspansikan $\phi_i(t; q)$ dalam deret Taylor terhadap q , diperoleh

$$\phi_i(t; q) = z_{i,0}(t) + \sum_{m=1}^{+\infty} z_{i,m}(t)q^m, \quad (25)$$

Where

$$z_{i,m} = \frac{1}{m!} \left. \frac{\partial^m \phi_i(t; q)}{\partial q^m} \right|_{q=0}. \quad (26)$$

Jika operator linier tambahan, tebakan awal parameter tambahan \hbar_i , dan fungsi tambahan dipilih, maka persamaan deret (24) konvergen ke $q = 1$ dan

$$\phi_i(t; 1) = z_{i,0}(t) + \sum_{m=1}^{+\infty} z_{i,m}(t), \quad (27)$$

Yang mana menjadi satu penyelesaian dari persamaan tak linier asal, seperti yang dibuktikan oleh Liao. Seperti $\hbar = -1$, persamaan(23) menjadi

$$(1 - q)L[\phi_i(t; q) - z_{i,0}(t)] + qN_i[\phi_i(t; q) - z_{i,0}(t)] = 0, \quad (28)$$

Yang mana kebanyakan digunakan dalam metode HPM. (He, 1999).

Dari (26), pembangunan persamaan dapat disimpulkan dari persamaan deformasi order nol. Didefinisikan vector

$$\bar{z}_{i,n} = [z_{i,0}(t), z_{i,1}(t), \dots, z_{i,n}(t)] \quad (29)$$

Pendiferensialan (25) sebanyak m kali terhadap parameter terbenam q dan kemudian dimidalkan $q = 0$ dan akhirnya dibagi mereka dengan $m!$, kita sebut dengan persamaan deformasi order ke- m .

$$L[z_{i,m}(t) - \chi_m z_{i,m}(t)] = \hbar_i R_{i,m}(\bar{z}_{i,m-1}), \quad (30)$$

dimana

$$R_{i,m}(\bar{z}_{i,m-1}) = \frac{1}{(m-1)!} \left. \frac{\partial^{m-1} \phi_i(t; q)}{\partial q^{m-1}} \right|_{q=0}, \quad (31)$$

dan

$$\chi_m = \begin{cases} 0, & m \leq 1, \\ 1, & m > 1. \end{cases} \quad (32)$$

Ini ditekankan bahwa $z_{i,m}(t)$ $m \geq 1$ dibangun oleh persamaan linier (30) dengan syarat batas linier yang berasal dari masalah asal, yang dapat dengan mudah diselesaikan dengan symbol komputer seperti MAPLE atau MATHEMATICA.

2.7. Metode Dekomposisi Adomian Multistage

Untuk menggunakan Metode dekomposisi Adomian multistage (MDAM), pertama kali, kita pertimbangkan sistem persamaan diferensial order satu umum sebagai berikut:

$$u_i' = \sum_{j=1}^n a_{ij} u_j + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} u_p u_q, \quad (33)$$

Dengan syarat nilai awal

$$u_i(t_0) = c_i \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (34)$$

Dimana prime menyatakan turunan terhadap waktu t . Jika defenisikan bentuk linier sebagai R dan bentuk taklinier sebagai N , maka kita rulis sistem persamaan di atas maka bentuk operator

$$Lu_i = Ru_i + Nu_i, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (35)$$

Dimana L adalah operator $d(\cdot)/dt$. Sekarang kita dalam pembentukan bentuk standart yang dianjurkan oleh Adomian, (Adomian, 1989), dan prosedur biasa digunakan. Dalam kenyataannya, penggunaan operator integral L^{-1} pada pers. (35) menghasilkan

$$u_i(t) = u_i(t=0) + L^{-1}Ru_i + L^{-1}Nu_i. \quad (36)$$

Dengan asumsi sistem persamaan umum dalam pers. (33) adalah masalah nilai awal, penyelesaiannya adalah ditentukan secara unik melalui informasi $u_i(t=0), (i = 1, 2, \dots, n)$.

Menurut Metode Dekomposisi Adomian (MDA) (Adomian, 1989), penyelesaian $u_i(t)$ diberikan oleh deret

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) \quad \forall i = 1, 2, \dots, n. \quad (37)$$

Sistem (33) dapat ditulis kembali skema Adomian sebagai bentuk berikut

$$Ru_i(t) = \sum_{i=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} u_{ir}(t) \quad (38)$$

Maka $L^{-1}Ru_i$ diberikan oleh

$$L^{-1}Ru_i(t) = \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{ir}(s) ds. \quad (39)$$

Sedangkan, bentuk taklinier Nu_i dikomposisikan sebagai

$$Nu_i(t) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(t). \quad (40)$$

Dimana a_{ij} adalah skalar dan $A_{ir,p,q}$ adalah polinomial Adomian. Dalam kasus ini, polinomial Adomian diberikan dengan rumus

$$A_{ir,p,q} = \frac{1}{r!} \frac{d^r}{d\lambda^r} \left[M \left(\sum_{k=0}^{\infty} \lambda^k u_{kp}, \sum_{k=0}^{\infty} \lambda^k u_{kq} \right) \right]_{\lambda=0}. \quad (41)$$

Dimana $M(x, y) = xy$ untuk tiap $m = 0, 1, 2, \dots$. Tambahan lagi $L^{-1}Nu_i$ diberikan oleh

$$L^{-1}Nu_i(t) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \sum_{r=0}^{\infty} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds. \quad (42)$$

Substitusi (41)-(42) ke dalam (36) menghasilkan

$$\sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) = u_i(t=0) + \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{jr}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(s) ds, \quad (43)$$

Konsekuensinya, kita punya untuk tiap-tiap $i = 1, 2, \dots, n$,

$$u_{i0} = u_i(t=0), \quad (44)$$

$$u_{i1} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{j0}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i0,p,q}(s) ds, \quad (45)$$

$$u_{i2} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{j1}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i1,p,q}(s) ds, \quad (46)$$

⋮

$$u_{i(r+1)} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{jr}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds, \quad (47)$$

Dalam perhitungan polinomial Adomian dan pengintegralan, maka kemudian untuk semua $t \geq 0$

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} d_{ir} \frac{(t)^r}{r!}, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (48)$$

Dimana koefisien d_{ir} diberikan oleh

$$d_{i0} = u_i(t=0), \quad (49)$$

$$d_{ir} = \sum_{j=1}^n a_{ij} d_{j(r-1)} + (r-1)! \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n \sum_{k=0}^{r-1} a_{ipq} \frac{d_{qk}}{k!} \frac{d_{p(r-k-1)}}{k!(r-k-1)!}, r \geq 1. \quad (50)$$

MDA dibentuk sebagai algoritma untuk aproksimasi respon dynamik dalam barisan dari interval waktu (yaitu step waktu) $[0, t_1), [t_1, t_2), \dots, [t_{r-1}, T)$ maka syarat awal dalam $[t^*, t_{r+1})$ diambil menjadi syarat pada t^* . Teknik ini disebut disebut metode dekomposisi Adomian multistage MDAM, yang diperkenalkan oleh Noorani et al. (2007). Rumus dapat ditulis sebagai

$$\sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) = u_i(t^*) + \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_{t^*}^t u_{ir}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(s) ds. \quad (51)$$

Konsekuensinya, kita peroleh untuk tiap-tiap $i = 1, 2, \dots, n$,

$$u_{i0} = u_i(t^*), \quad (52)$$

$$u_{i1} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_{t^*}^t u_{i0}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t A_{i0,p,q}(s) ds, \quad (53)$$

$$u_{i2} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_{t^*}^t u_{i1}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t A_{i1,p,q}(s) ds, \quad (54)$$

⋮

$$u_{i(r+1)} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_{t^*}^t u_{ir}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t A_{ir,p,q}(s) ds, \quad (55)$$

Dalam perhitungan polinomial Adomian dan pengintegralan, harus diperoleh untuk semua $t \geq 0$,

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} d_{ir} \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (56)$$

Dimana koefisien d_{ir} diberikan oleh:

$$d_{i0} = u_i(t=0),$$

$$d_{ir} = \sum_{j=1}^n a_{ij} d_{j(r-1)} + (r-1)! \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n \sum_{k=0}^{r-1} a_{ipq} \frac{d_{qk}}{k!} \frac{d_{p(r-k-1)}}{k!(r-k-1)!}, r \geq 1. \quad (67)$$

Untuk komputasi, jumlah term terhingga dalam (55) digunakan dalam prosedur yang diperlihatkan.

BAB II

TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN

2.1. Tujuan Penelitian

- Memodelkan penyebaran epidemic menggunakan model SIR
- Memodelkan penyebaran epidemic menggunakan model SEIR
- Mencari Penyelesaian menggunakan Runge kutta order ke-4
- Mencari penyelesaian menggunakan MIV
- Mencari penyelesaian menggunakan MPH
- Mencari penyelesaian menggunakan MAH
- Mencari penyelesaian menggunakan MDAM
- Menentukan Metode terakurat dan terbaik untuk menyelesaikan model penyebaran penyakit epidemic

2.2 Manfaat Penelitian

Adapun manfaat dari penelitian ini adalah:

1. untuk membandingkan, merancang, melaksanakan, menilai dan mengoptimumkan berbagai pengidentifikasian, pencegahan, terapi, dan program pengontrolan terhadap penyakit demam berdarah.
2. Untuk mengetahui jumlah manusia yang rentan penyakit, manusia yang terkena infeksi dan jumlah nyamuk yang terinfeksi sebagai penyebar penyakit demam berdarah
3. Untuk mengetahui beberapa cara perhitungan menggunakan beberapa metode semi numerik.
4. Untuk perkembangan ilmu matematika dan sebagai rujukan tentang penyakit demam berdarah.

BAB IV METODE PENELITIAN

Pada penelitian terdahulu, pemodelan matematika tentang penyebaran penyakit demam berdarah menggunakan model Susceptible Infected Recovery (SIR) telah diperkenalkan oleh beberapa ahli seperti yang disebutkan pada bab sebelumnya. Pada penelitian kali ini, pengumpulan data riil dilakukan untuk keakuratan model pada dunia nyata (KKRI, (2008)). Dalam pembangunan model kali ini, beberapa step dilakukan sebagai berikut:

1. Step pertama

Model yang paling sederhana untuk membangun model dari dinamika penyebaran penyakit demam berdarah adalah Susceptible-Infected-Removed (SIR). Pada tahun 1927, W. O. Kermack and A. G. McKendrick membuat model dimana mereka mempertimbangkan populasi tetap dengan hanya membagi menjadi tiga komponen yaitu susceptible $S(t)$, infected $I(t)$, and removed $R(t)$. Pada penelitian ini, model SIR akan diulas kembali sebagai dasar teori pembentukan model baru.

2. Step kedua

Untuk mengetahui jumlah populasi dari manusia yang rentan, manusia yang terinfeksi dan jumlah nyamuk yang bias menyebarkan penyakit demam berdarah metode Runge Kutta order 4 (RK4). Metode RK 4 digunakan untuk memperoleh jumlah populasi tersebut kemudian, hasil dari RK4 dibandingkan dengan data sebenarnya (KKRI (2008)). Metode RK4 ini dihitung menggunakan paket MAPLE dengan signifikan digit berjumlah 16.

3. Step Ketiga

Langkah berikutnya, salah satu metode semi numeric. Metode ini dikenal dengan MIV seperti telah dikemukakan pada bab sebelumnya. Penentuan pekali Lagrange dilakukan sebelum melakukan iterasi. Pemilihan iterasi dipilih dengan melakukan perbandingan solusi dari RK4. Metode MIV ini dihitung menggunakan paket MAPLE dengan signifikan digit berjumlah 16. Dalam menggambarkan graph, pakut gnuplot dan Latex digunakan untuk mendapatkan hasil grafik yang lebih bagus tampilannya.

4. Step Keempat

Metode semi numerik lainnya, yaitu MPH digunakan untuk mengetahui jumlah populasi dari manusia yang rentan, manusia yang terinfeksi dan jumlah nyamuk yang bias menyebarkan penyakit demam berdarah. Pendekatan polinomial He digunakan dalam MPH seperti yang telah dikemukakan pada bab sebelumnya. Hasil dari MPH dibandingkan dengan hasil dari MIV dan RK4 sebagai hasil dasar.

5. Step Kelima

Metode analisis homotopi (MAH) juga digunakan untuk melihat metode mana yang lebih akurat untuk menyelesaikan model SIR ini. MAH berdasarkan homotopi dari topologi. MAH ini bebas, apakah perlu ada parameter kecil atau tidak sehingga MAH bias mengatasi keterbatasan tehnik perturbasi. Metode MAH ini dihitung menggunakan paket MATHEMATICA dengan signifikan digit berjumlah 16. Dalam menggambarkan graph, pakut gnuplot dan Latex digunakan untuk mendapatkan hasil grafik yang lebih bagus tampilannya.

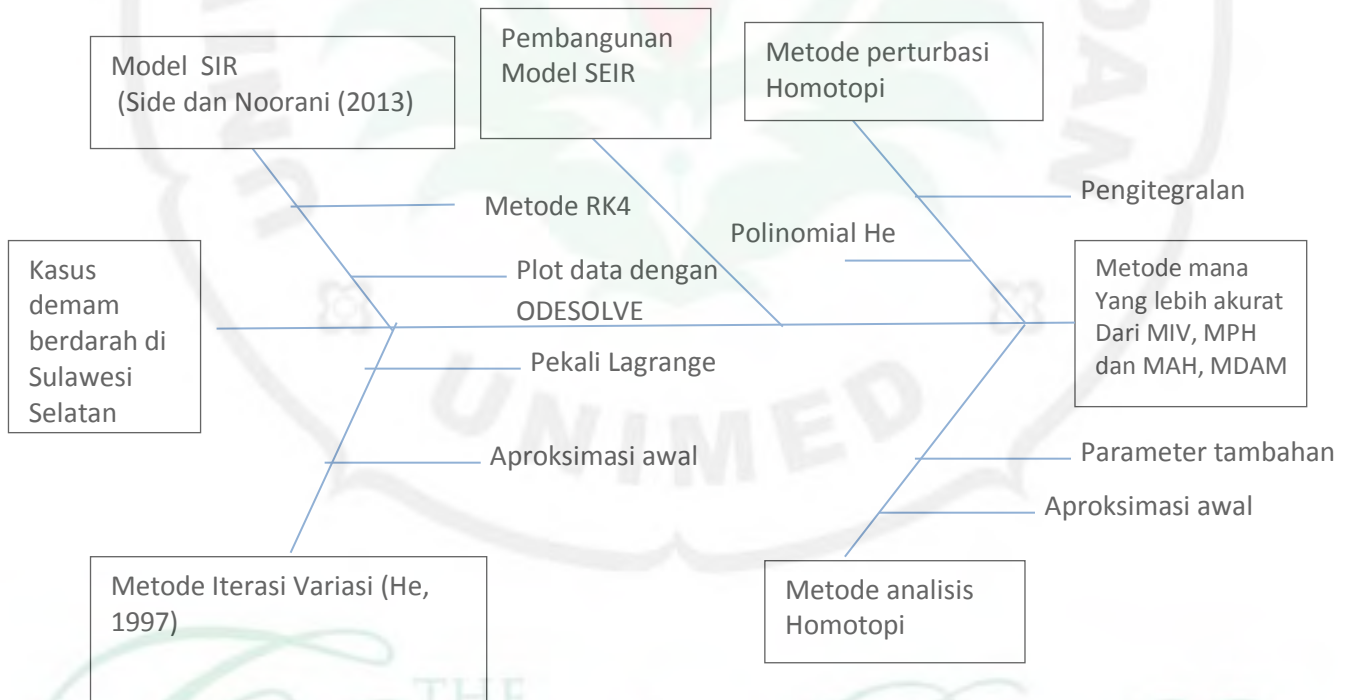
6. Step Keenam

Pembangunan model SEIR dibangun untuk mengetahui dinamik penyebaran penyakit demam berdarah bagi manusia yang terpapar atau terkena gejala demam berdarah tetapi belum teridentifikasi terinfeksi. Model pembangunan dari model SEIR telah dibicarakan pada bab sebelumnya.

7. Step Tujuh

Metode dekomposisi Adomian Multistage (MADM) juga digunakan untuk melihat metode mana yang lebih akurat untuk menyelesaikan model SIR ini. MDAM berdasarkan iterasi teknik yang menggunakan pendekatan polynomial Adomian yang dijalankan secara step. MDAM ini bebas, apakah perlu ada parameter kecil atau tidak sehingga MDAM biasa mengatasi keterbatasan tehnik perturbasi. Metode MDAM ini dihitung menggunakan paket MAPLE dengan signifikan digit berjumlah 16. Dalam menggambarkan graph, paket gnuplot dan Latex digunakan untuk mendapatkan hasil grafik yang lebih bagus tampilannya

Secara keseluruhan, langkah-langkah penelitian ini dituliskan menggunakan fishbone sebgarai berikut:

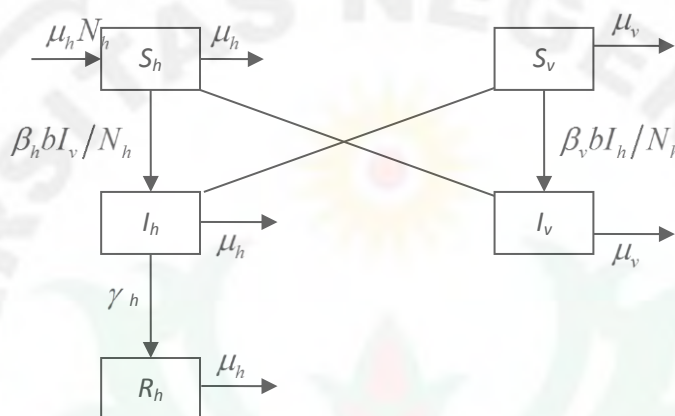


Gambar 4. Fishbone dari Penelitian

BAB V HASIL DAN PEMBAHASAN

5.1. Pembentukan Model SIR

Perubahan yang terjadi pada setiap grup manusia dan nyamuk dapat didefinisikan dalam bentuk skema seperti Gambar 5.



Gambar 5 skema populasi manusia dan vector untuk model SIR

Untuk membuat permodelan dari interaksi *Host-Vector* berdasarkan andaian pada faktor yang mempengaruhi laju perubahan jumlah *host* yang mudah ditulari terhadap masa yang merupakan jumlah kelahiran populasi *host* yaitu $\mu_h N_h$, jumlah *host* yang telah terjangkiti yaitu $\frac{b\beta_h}{N_h} I_v S_h$ dengan $b\beta_h$ adalah kadar hubungan yang mencukupi dari manusia kepada vektor dengan mempertimbangkan peluang penyebaran dari individu yang telah dijangkiti kepada nyamuk yang berpotensi untuk dijangkiti, β_h dan rata gigitan nyamuk yang berpotensi untuk dijangkiti, b . Juga kematian dari *host* yang *susceptible* yaitu $\mu_h S_h$ pada masa yang sama dapat didefinisikan seperti berikut:

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h \quad (68)$$

Demikian juga laju perubahan jumlah *host* yang terjangkiti terhadap masa tergantung kepada jumlah populasi *host* yang telah terjangkiti, jumlah kematian populasi *host* yang terjangkiti $\mu_h I_h$ dan jumlah populasi *host* yang sembuh dari jangkitan yaitu $\gamma_h I_h$ dalam waktu yang sama dapat dituliskan seperti persamaan berikut:

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \quad (69)$$

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

$$\frac{d}{dt} R_h = \gamma_h I_h - \mu_h R_h \quad (70)$$

Laju perubahan jumlah populasi nyamuk yang *susceptible* terhadap waktu adalah selisih dari jumlah nyamuk yang ada N_v terhadap jumlah populasi nyamuk yang telah terjangkiti 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 mempertimbangkan peluang penjangkitan dari nyamuk yang telah dijangkiti kepada manusia yang berpotensi untuk dijangkiti virus, β_v , dan rata-rata gigitan nyamuk yang telah dijangkiti, b . Juga jumlah kematian daripada populasi nyamuk yang *susceptible* iaitu $\mu_v S_v$ pada masa yang sama didefinisikan dalam persamaan berikut:

$$\frac{d}{dt} S_v = \mu_v N_v - \frac{\beta_v b}{N_v} I_h S_v - \mu_v S_v \quad (71)$$

Sedangkan laju perubahan jumlah populasi nyamuk yang terjangkiti terhadap masa yaitu selisih dari jumlah nyamuk yang telah terjangkiti yaitu $\frac{b\beta_v}{N_v} I_h S_v$ terhadap jumlah kematian populasi nyamuk yang terjangkiti yaitu $\gamma_v I_v$ pada waktu yang sama pula didefinisikan ke dalam persamaan matematik berikut:

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v \quad (72)$$

Gambar 5 pula bisa didefinisikan dalam bentuk model matematik yaitu model interaksi *Host-Vektor* yang merupakan persamaan diferensial tidak linear seperti berikut :

Populasi manusia

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h \quad (73)$$

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \quad (74)$$

$$\frac{d}{dt} R_h = \gamma_h I_h - \mu_h R_h \quad (75)$$

Populasi vektor

$$\frac{d}{dt} S_v = \mu_v N_v - \frac{b\beta_v}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v \quad (76)$$

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v \quad (77)$$

dengan syarat,

$$S_h + I_h + R_h = N_h \quad \Rightarrow \quad R_h = N_h - S_h - I_h \quad (78)$$

$$S_v + I_v = N_v = \frac{A}{\mu_v} \quad \Rightarrow \quad S_v = N_v - I_v = \frac{A}{\mu_v} - I_v \quad (79)$$

Oleh demikian, model bagi populasi manusia dan nyamuk boleh disederhanakan seperti berikut ;

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h \quad (80)$$

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \quad (81)$$

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v \quad (82)$$

Model yang dihasilkan bisa disederhanakan dengan mengandaikan pecahan-pecahan berikut:

$$x = \frac{S_h}{N_h}, \quad y = \frac{I_h}{N_h}, \quad \text{dan} \quad z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A/\mu_v} \quad (83)$$

Oleh demikian, model untuk populasi manusia dan nyamuk bisa disederhanakan seperti berikut,

$$\frac{dx}{dt} = \mu_h (1 - x(t)) - \alpha x(t)z(t) \quad (84)$$

$$\frac{dy}{dt} = \alpha x(t)z(t) - \beta y(t) \quad (85)$$

$$\frac{dz}{dt} = \gamma (1 - z(t))y(t) - \delta z(t) \quad (86)$$

dengan nilai $\alpha = \frac{b\beta_h A}{\mu_v N_h}$, $\beta = \gamma_h + \mu_h$, $\gamma = b\beta_v$, $\delta = \mu_v$.

Sistem model matematik yang dihasilkan tidak dapat diselesaikan secara beranalisis tetapi hanya dengan cara berangka. Maka, kajian perlu menetapkan nilai parameter yang akan digunakan bagi mendapatkan hasil daripada model ini.

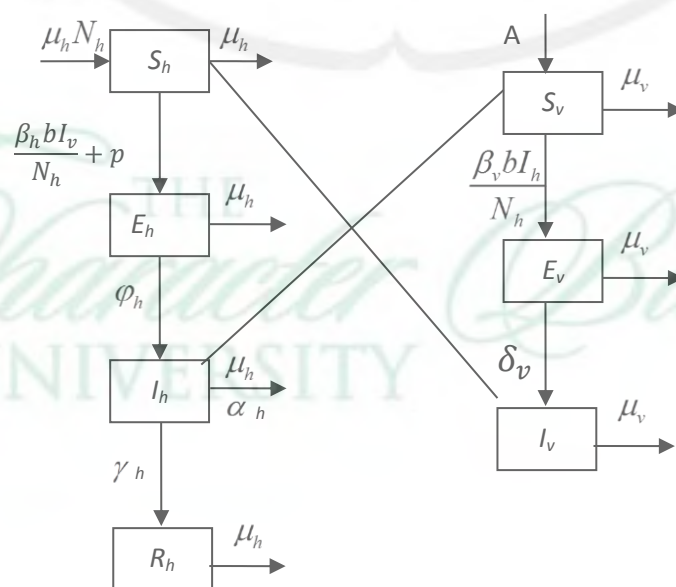
5.2. Pembentukan Model SEIR

Pada saat ini, polusi semakin meningkat secara terus menerus hingga menjadi masalah untuk semua negara di belahan dunia, hal ini menyebabkan terjadinya pemanasan global hingga terjadi perubahan iklim. Negara-negara di Asia Tenggara, khususnya Indonesia juga merasakan dampak daripada pemanasan global. Musim penghujan hampir terjadi sepanjang tahun, akibatnya penyakit yang biasanya muncul setelah musim hujan tidak lagi dapat diperkirakan seperti penyakit demam berdarah. Penyakit demam berdarah di negeri Sulawesi Selatan menjadi ancaman serius bagi lebih dari tujuh juta penduduk, ditambah lagi kurangnya kesadaran masyarakat tentang pentingnya kesehatan, sehingga perlu mendapat perhatian dari pihak pemerintah, khususnya menteri kesehatan. (Tribun, Oktober 2010). Oleh itu, model *host-vector* bagi penularan demam berdarah memerlukan satu tambahan grup untuk melengkapi model SIR yaitu grup manusia dan nyamuk yang memperlihatkan gejala dijangkiti.

Sama halnya dengan model SIR, model ini pula terdapat dua faktor yang utama yang menyebabkan demam berdarah yaitu nyamuk sebagai vektor dan manusia sebagai *host*, yang berbeda dengan model SIR, model SEIR membagikan populasi manusia N_h menjadi empat grup yaitu manusia yang berpotensi untuk dijangkiti virus demam berdarah, S_h , manusia yang memperlihatkan gejala dijangkiti virus demam berdarah, E_h , manusia yang telah dijangkiti virus denggi, I_h , dan manusia yang telah sembuh, R_h . Populasi vektor atau nyamuk, N_v , dibagikan menjadi tiga kumpulan iaitu nyamuk yang berpotensi untuk dijangkiti virus demam berdarah, S_v , nyamuk yang terkena penjangkitan, E_v , dan nyamuk yang telah dijangkiti virus denggi, I_v . (K.C Ang & Z. Li, 1999)

Penelitian ini mempertimbangkan andaian bahwa terdapat manusia dalam populasi ini yang telah dijangkiti virus tetapi belum bisa menjangkiti manusia lain, namun mampu menyebabkan penyebaran virus terjadi, 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 peluang untuk dijangkiti dengan virus demam berdarah pada $\frac{\beta_h b I_v}{N_h}$. $\beta_h b$ adalah hubungan yang mencukup manusia kepada vektor dengan mempertimbangkan peluang penjangkitan dari individu yang telah dijangkiti kepada nyamuk yang berpotensi untuk dijangkiti, β_h , jumlah persen untuk nyamuk yang terjangkau, p dan rata-rata gigitan nyamuk yang berpotensi untuk dijangkiti, b . Sedangkan manusia yang terkena penjangkitan virus demam berdarah berukuran φ_h . Sedangkan manusia telah dijangkiti dengan virus demam berdarah, mereka akan diberikan perawatan. Penelitian mengandaikan bahawa setiap manusia yang dirawat akan memperoleh imunisasi sepanjang hayat sehingga tidak ada jangkitan lagi. Ini disebabkan karena tidak ada lagi vaksin yang spesifik dapat melawan virus demam berdarah. jumlah untuk manusia yang sembuh dari jangkitan virus terjadi disebabkan perawatan yang diberi atau pun jangka waktu jangkitan dalam tubuh individu yang berjumlah γ_h .

Perubahan untuk grup S_v menunjukkan bahwa setiap nyamuk mempunyai peluang untuk dijangkiti dengan virus demam berdarah pada jumlah $\frac{\beta_v b I_h}{N_h}$. $\beta_v b$ adalah jumlah hubungan yang mencukup vektor kepada manusia dengan mempertimbangkan peluang penjangkitan dari nyamuk yang telah dijangkiti kepada manusia yang berpotensi untuk dijangkiti virus, β_v dan rata-rata gigitan nyamuk yang telah dijangkiti, b . Sedangkan, jumlah nyamuk yang terkena penjangkitan virus berjumlah δ_v . Setiap grup manusia dan nyamuk akan berkurang disebabkan kematian dari awalnya, μ_h dan μ_v . Untuk grup manusia yang dijangkiti, terdapat kematian yang disebabkan oleh penyakit demam berdarah itu sendiri dengan rate α_h . Perubahan yang berlaku pada setiap grup manusia dan nyamuk dapat didefinisikan dalam bentuk berskema seperti Gambar 6.



Gambar 6 skema untuk populasi manusia dan vector bagi model SEIR.

Gambar 6 ini pula bisa didefinisikan dalam bentuk model matematik seperti berikut :

Populasi manusia

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(\frac{\beta_h b I_v}{N_h} + p + \mu_h \right) S_h \quad (87)$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \left(\frac{\beta_h b I_v}{N_h} + p \right) S_h - (\mu_h + \varphi_h) E_h \quad (88)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \varphi_h E_h - (\mu_h + \gamma_h + \alpha_h) I_h \quad (89)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma_h I_h - \mu_h R_h \quad (90)$$

Populasi vektor

$$\frac{dS_v}{dt} = A - \left(\frac{\beta_v b I_h}{N_h} + \mu_v \right) S_v \quad (91)$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \frac{\beta_v b I_h}{N_h} S_v - (\mu_v + \delta_v) E_v \quad (92)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \delta_v E_v - \mu_v I_v \quad (93)$$

Dengan syarat,

$$N_h = S_h + E_h + I_h + R_h \Rightarrow R_h = N_h - S_h - E_h - I_h \quad (94)$$

$$N_v = \frac{A}{\mu_v} = S_v + E_v + I_v \Rightarrow S_v = \frac{A}{\mu_v} - E_v - I_v \quad (95)$$

Oleh yang demikian, model bagi populasi manusia dan nyamuk boleh disederhanakan seperti berikut;

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(\frac{\beta_h b I_v}{N_h} + p + \mu_h \right) S_h \quad (96)$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \left(\frac{\beta_h b I_v}{N_h} + p \right) S_h - (\mu_h + \varphi_h) E_h \quad (97)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \varphi_h E_h - (\mu_h + \gamma_h + \alpha_h) I_h \quad (98)$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \frac{\beta_v b I_h}{N_h} S_v - (\mu_v + \delta_v) E_v \quad (99)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \delta_v E_v - \mu_v I_v \quad (100)$$

Model yang dihasilkan boleh disederhanakan dengan mengandaikan pecahan-pecahan berikut:

$$x = \frac{S_h}{N_h}, u = \frac{E_h}{N_h}, y = \frac{I_h}{N_h}, w = \frac{E_v}{N_v} \text{ dan } z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A/\mu_v} \quad (101)$$

Oleh demikian, model untuk populasi manusia dan nyamuk boleh disederhanakan seperti berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= \mu_h(1-x) - px - \alpha xz \\ \frac{du}{dt} &= (\alpha z + p)x - (\mu_h + \varphi_h)u \\ \frac{dy}{dt} &= \varphi_h u - (\mu_h + \gamma_h + \alpha_h)y \\ \frac{dw}{dt} &= \gamma_v(1-z-w)y - (\mu_v + \delta_v)w \\ \frac{dz}{dt} &= \delta_v w - \mu_v z \end{aligned} \quad (102)$$

Dengan $\alpha = \frac{\beta_h b A}{N_h \mu_v}$.

5.3. Pengaplikasian MIV untuk Model Sir Dari Penyebaran Penyakit Demam Berdarah

Metode iterasi variasi adalah salah satu metode semi analitic yang ampuh dan banyak digunakan untuk menyelesaikan persamaan diferensial. Teori dasar untuk menggunakan MIV, pertama kali, dituliskan kembali model SIR dari penyakit demam berdarah seperti berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= \mu_h (1-x(t)) - \alpha x(t)z(t) \\ \frac{dy}{dt} &= \alpha x(t)z(t) - \beta y(t) \\ \frac{dz}{dt} &= \gamma (1-z(t))y(t) - \delta z(t)\end{aligned}$$

dimana μ_h adalah bentuk rate pertambahan jumlah susceptible, $\beta\beta_h$ adalah A adalah, μ_v adalah, N_h adalah jumlah populasi host, $\alpha = \frac{\beta\beta_h A}{\mu_v N_h}$, $\beta = \gamma_h + \mu_h$ dan $\gamma = \beta\beta_v$ dan $\delta = \mu_v$ bentuk tak homogen.

Untuk menggunakan MIV kepada model SIR, dibangun fungsi pembetulan sebagai berikut:

$$x_{n+1}(t) = x_n + \int_0^t \lambda_1(s) \left[\frac{dx_n}{ds} - \mu_h(1-x_n) + \alpha \widetilde{x_n z_n} \right] ds, \quad (103)$$

$$y_{n+1}(t) = y_n + \int_0^t \lambda_2(s) \left[\frac{dy_n}{ds} - \alpha \widetilde{x_n z_n} + \beta y_n \right] ds, \quad (104)$$

$$z_{n+1}(t) = z_n + \int_0^t \lambda_3(s) \left[\frac{dz_n}{ds} - \gamma y_n + \gamma \widetilde{y_n z_n} + \delta_1 z_n \right] ds, \quad (105)$$

dimana λ_i , $i = 1,2,3$ adalah pekali Lagrange umum yang dapat diidentifikasi secara optimal melalui teori variasi dan subskrip n menandakan ke- n . Untuk memperoleh $\lambda(s)$ optimal, dilakukan seperti berikut:

$$\delta x_{n+1} = \delta x_n + \int_0^t \delta \lambda_1(s) \left[\frac{dx_n}{ds} - \mu_h(1-x_n) + \alpha \widetilde{x_n z_n} \right] ds, \quad (106)$$

$$\delta y_{n+1} = y_n + \int_0^t \delta \lambda_2(s) \left[\frac{dy_n}{ds} - \alpha \beta \widetilde{y_n} \right] ds, \quad (107)$$

$$z_{n+1} = z_n + \int_0^t \lambda_3(s) \left[\frac{dz_n}{ds} - \gamma \widetilde{y_n} + \gamma \widetilde{y_n z_n} + \delta_1 \widetilde{z_n} \right] ds, \quad (108)$$

dimana $\widetilde{x_n}$, $\widetilde{y_n}$, $\widetilde{y_n z_n}$, $\widetilde{x_n z_n}$, dan $\widetilde{z_n}$ dipertimbangkan sebagai variasi tersekat i.i., $\widetilde{x_n}, \widetilde{y_n} = 0$ and $\widetilde{z_n} = 0$. Then, we have

$$\delta x_{n+1} = \delta x_n + \int_0^t \delta \lambda_1(s) \left[\frac{dx_n}{ds} + \mu_h x_n \right] ds, \quad (109)$$

$$\delta y_{n+1} = y_n + \int_0^t \delta \lambda_2(s) \left[\frac{dy_n}{ds} + \beta y_n \right] ds, \quad (110)$$

$$\delta z_{n+1} = \delta z_n + \int_0^t \delta \lambda_3(s) \left[\frac{dz_n}{ds} + \delta_1 z_n \right] ds, \quad (111)$$

atau

$$\delta x_{n+1} = \delta x_n + \int_0^t \left[\delta \lambda_1 \frac{dx_n}{ds} + \delta \lambda_1 \mu_h x_n \right] ds \quad (112)$$

$$\delta y_{n+1} = \delta y_n + \int_0^t \left[\delta \lambda_2(s) \frac{dy_n}{ds} + \delta \lambda_2 \beta y_n \right] ds \quad (113)$$

$$\delta z_{n+1} = \delta z_n + \int_0^t \left[\delta \lambda_3 \frac{dz_n}{ds} + \delta \delta_1 \lambda_3 z_n \right] ds \quad (114)$$

diperoleh

$$\delta x_{n+1} = \delta(1 + \lambda_1)x_n + \int_0^t \delta[\lambda'_1 + \lambda_1 \mu_h] x_n ds, \quad (115)$$

$$\delta y_{n+1} = \delta(1 + \lambda_2)y_n + \int_0^t \delta[\lambda'_2 + \lambda_2 \beta] y_n ds, \quad (116)$$

$$\delta z_{n+1} = \delta(1 + \lambda_3)z_n + \int_0^t \delta[\lambda'_3 + \delta \delta_1 \lambda_3] z_n ds, \quad (117)$$

Jadi, diperoleh syarat stasionerr berikut:

$$\delta x_n : (1 - \lambda_1(t))|_{s=t} = 0,$$

$$\delta y_n : (1 - \lambda_2(t))|_{s=t} = 0,$$

$$\delta z_n : (1 - \lambda_3(t))|_{s=t} = 0,$$

$$\delta x'_n : \lambda'_1(s) + \mu_h \lambda_1(s)|_{s=t} = 0,$$

$$\delta y'_n : \lambda_2(s) + \beta \lambda_2(s)|_{s=t} = 0,$$

$$\delta z'_n : \lambda_3(s) + \delta_1 \lambda_3(s)|_{s=t} = 0,$$

Penyelesaian dari system persamaan diperoleh

$$\begin{aligned} \lambda_1(s) &= -e^{\mu_h(s-t)}, \\ \lambda_2(s) &= -e^{\beta(s-t)}, \\ \lambda_3(s) &= -e^{\delta_1(s-t)}, \end{aligned} \quad (118)$$

Disini, pekali Lagrange umum di dalam (118) diekspan dengan deret Taylor dan dipilih hanya satu term untuk lebih mudah dalam perhitungan, Pekali Lagrange umum dapat ditulis sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\lambda_1(s) &= -1, \\ \lambda_2(s) &= -1, \\ \lambda_3(s) &= -1,\end{aligned}\tag{119}$$

Substitusi pekali Lagrange umum dalam (119) ke persamaan (103)-(105) menghasilkan rumus iterasi berikut:

$$x_{n+1}(t) = x_n - \int_0^t \left[\frac{dx_n}{ds} - \mu_h(1 - x_n) + \alpha x_n z_n \right] ds,\tag{120}$$

$$y_{n+1}(t) = y_n - \int_0^t \left[\frac{dy_n}{ds} - \alpha x_n z_n + \beta y_n \right] ds,\tag{121}$$

$$z_{n+1}(t) = z_n - \int_0^t \left[\frac{dz_n}{ds} - \gamma y_n + \gamma y_n z_n + \delta_1 z_n \right] ds.\tag{122}$$

Iterasi diawali dengan aproksimasi awal seperti yang diperoleh dari data mentri kesehatan Indonesia (2007), $c_1 = \frac{7675406}{7675893}$, $c_2 = \frac{487}{7675893}$, $c_3 = 0.056$ serta $\alpha = 0.232198$, $\beta = 0.328879$, $\gamma = 0.375$, dan $\delta_1 = 0.0323$. Dari rumus iterasi (87)-(89) diperoleh

$$x_1 = 0.9999365546 - 0.0130022687 t,\tag{123}$$

$$y_1 = 0.00006344538675 + 0.01298140513 t\tag{124}$$

$$z_1 = 0.056 - 0.001786340333 t,\tag{125}$$

$$\begin{aligned}x_2 = & 0.9999365546 - 0.0130022687 t + 2.922132174 \times 10^{-4} t^2 \\ & - 1.797714851 \times 10^{-6} t^3,\end{aligned}\tag{126}$$

$$\begin{aligned}y_2 = & 0.00006344538675 + 0.01298140513 t + 0.1797714851 \times 10^{-5} t^3 \\ & - 0.002426569924 t^2,\end{aligned}\tag{127}$$

$$\begin{aligned}z_2 = & 0.056 - 0.001786340333 t + 0.002326579355 t^2 \\ & + 0.2898650945 \times 10^{-5} t^3,\end{aligned}\tag{128}$$

$$\begin{aligned}x_3 = & 0.9999365546 - 0.01300226807 t - 0.0001831331308 t^3 \\ & + 0.0002922132174 t^2 + 0.1728532016 \times 10^{-12} t^7 \\ & + 0.1290829001 \times 10^{-9} t^6 - 0.2997118573 \times 10^{-7} t^5 \\ & + 0.1623956764 \times 10^{-5} t^4,\end{aligned}\tag{129}$$

$$\begin{aligned}y_3 = & 0.00006344538675 + 0.01298140513 t + 0.000449144614 t^3 \\ & - 0.00242656993 t^2 - 0.1728532016 \times 10^{-12} t^7 \\ & - 0.1290829001 \times 10^{-9} t^6 + 0.2997118573 \times 10^{-7} t^5 \\ & - 0.1771743755 \times 10^{-5} t^4,\end{aligned}\tag{130}$$

$$\begin{aligned}z_3 = & 0.056 - 0.00178634033 t - 0.000308504557 t^3 \\ & + 0.002326579355 t^2 - 0.2791579206 \times 10^{-12} t^7 \\ & + 0.1782033109 \times 10^{-9} t^6 + 0.4208392710 \times 10^{-6} t^3 \\ & - 0.3102165044 \times 10^{-5} t^4,\end{aligned}\tag{131}$$

Dan seterusnya.

5.4. Pengaplikasian MPH untuk penyebaran Model Sir dari Penyakit Demam Berdarah

Pertama, tuliskan model SIR dari penyakit demam berdarah dalam bentuk berikut

$$\frac{dx}{dt} = \mu_h(1 - x(t)) - \alpha x(t)z(t),$$

$$\frac{dy}{dt} = \alpha x(t)z(t) - \beta y(t),$$

$$\frac{dz}{dt} = \gamma(1 - z(t))y(t) - \delta_1 z(t),$$

Dengan syarat awal

$$x(t_0) = c_1, \quad y(t_0) = c_2, \quad z(t_0) = c_3.$$

Menurut MPH, dibangun suatu homotopi untuk model SIR darisemam berdarah yang memenuhi hubungan berikut:

$$v'_1 - x'_0 + p(x'_0 - \mu_h(1 - v_1) + \alpha v_1 v_3) = 0, \quad (132)$$

$$v'_2 - y'_0 + p(y'_0 - \alpha v_1 v_3 + \beta v_2) = 0, \quad (133)$$

$$v'_3 - z'_0 + p(z'_0 - \gamma(1 - v_3)v_2 + \delta_1 v_3) = 0. \quad (134)$$

Dipilihla aproksimasi awal seperti

$$v_{1,0}(t) = x_0(t) = v_1(0) = c_1, \quad (135)$$

$$v_{2,0}(t) = y_0(t) = v_2(0) = c_2, \quad (136)$$

$$v_{3,0}(t) = z_0(t) = v_3(0) = c_3, \quad (137)$$

dan

$$v_1(t) = v_{1,0}(t) + p v_{1,1}(t) + p^2 v_{1,2}(t) + p^3 v_{1,3}(t) + \dots, \quad (138)$$

$$v_2(t) = v_{2,0}(t) + p v_{2,1}(t) + p^2 v_{2,2}(t) + p^3 v_{2,3}(t) + \dots, \quad (139)$$

$$v_3(t) = v_{3,0}(t) + p v_{3,1}(t) + p^2 v_{3,2}(t) + p^3 v_{3,3}(t) + \dots, \quad (140)$$

dimana $v_{i,j}$ ($i = 1, 2; j = 1, 2, 3, \dots$) adalah fungsi tetapi telah ditentukan. Substituting (135)–(140) into (132)–(134) and collecting terms of the same powers of p , we have

$$v'_{1,1} + \alpha v_{1,0} v_{3,0} + \mu_h v_{1,0} - \mu_h = 0, \quad v_{1,1}(0) = 0, \quad (141)$$

$$v'_{2,1} - \alpha v_{1,0} v_{3,0} + \beta v_{2,0} = 0, \quad v_{2,1}(0) = 0, \quad (142)$$

$$v'_{3,1} - \gamma v_{2,0} + \delta_1 v_{3,0} + \gamma v_{2,0} v_{3,0} = 0 \quad v_{3,1}(0) = 0, \quad (143)$$

$$v'_{1,2} + \mu_h v_{1,1} + \alpha v_{1,1} v_{3,0} + \alpha v_{1,0} v_{3,1} = 0 \quad v_{1,2}(0) = 0, \quad (144)$$

$$v'_{2,2} + \beta v_{2,1} - \alpha v_{1,1} v_{3,0} - \alpha v_{1,0} v_{3,1} = 0, \quad v_{2,2}(0) = 0, \quad (145)$$

$$v'_{3,2} - \gamma v_{2,1} + \gamma v_{2,1} v_{3,0} + \delta_1 v_{3,1} + \gamma v_{2,0} v_{3,1} = 0, \quad v_{3,2}(0) = 0, \quad (146)$$

$$v'_{1,3} + \alpha v_{1,0} v_{3,2} + \alpha v_{1,1} v_{3,1} + \alpha v_{1,2} v_{3,0} + \mu_h v_{1,2} = 0, \quad v_{1,3}(0) = 0, \quad (147)$$

$$v'_{2,3} + \beta v_{2,2} - \alpha v_{1,2} v_{3,0} - \alpha v_{1,1} v_{3,1} - \alpha v_{1,0} v_{3,2} = 0, \quad v_{2,3}(0) = 0, \quad (148)$$

$$v'_{3,3} - \gamma v_{2,2} + \gamma v_{2,2} v_{3,0} + \gamma v_{2,1} v_{3,1} + \delta_1 v_{3,2} + \gamma v_{2,0} v_{3,2} = 0, \quad v_{3,3}(0) = 0, \quad (149)$$

Penyelesaian persamaan diferensial (141)–(149), diperoleh,

$$v_{1,1} = \int_0^t [-\alpha v_{1,0} v_{3,0} - \mu_h v_{1,0} + \mu_h] ds, \quad (150)$$

$$v_{2,1} = \int_0^t [\alpha v_{1,0} v_{3,0} - \beta v_{2,0}] ds, \quad (151)$$

$$v_{3,1} = \int_0^t [\gamma v_{2,0} - \delta_1 v_{3,0} - \gamma v_{2,0} v_{3,0}] ds, \quad (152)$$

$$v_{1,2} = \int_0^t [-\mu_h v_{1,1} - \alpha v_{1,1} v_{3,0} - \alpha v_{1,0} v_{3,1}] ds, \quad (153)$$

$$v_{2,2} = \int_0^t [-\beta v_{2,1} + \alpha v_{1,1} v_{3,0} + \alpha v_{1,0} v_{3,1}] ds, \quad (154)$$

$$v_{3,2} = \int_0^t [\gamma v_{2,1} - \gamma v_{2,1} v_{3,0} - \delta_1 v_{3,1} - \gamma v_{2,0} v_{3,1}] ds, \quad (155)$$

$$v_{1,3} = \int_0^t [\alpha v_{1,0} v_{3,2} - \alpha v_{1,1} v_{3,1} - \alpha v_{1,2} v_{3,0} - \mu_h v_{1,2}] ds, \quad (156)$$

$$v_{2,3} = \int_0^t [-\beta v_{2,2} + \alpha v_{1,2} v_{3,0} + \alpha v_{1,1} + \alpha v_{1,0} v_{3,2}] ds, \quad (157)$$

$$v_{3,3} = \int_0^t [\gamma v_{2,2} - \gamma v_{2,2} v_{3,0} - \gamma v_{2,1} v_{3,1} - \delta_1 v_{3,2} - \gamma v_{2,0} v_{3,2}] ds, \quad (158)$$

Dari pengambilan data actual dari kementerian kesehatan (KKRI, 2008), $c_1 = \frac{7675406}{7675893}$, $c_2 = \frac{487}{7675893}$, $c_3 = 0.056$ serta $\alpha = 0.232198$, $\beta = 0.328879$, $\gamma = 0.375$, dan $\delta_1 = 0.0323$ menghasilkan

$$v_{1,1} = 0.999937 - 0.0130023 t, \quad (159)$$

$$v_{2,1} = 0.0000634454 + 0.0129814 t, \quad (160)$$

$$v_{3,1} = 0.56 - 0.00178634 t, \quad (161)$$

$$v_{1,2} = 0.999937 - 0.0130023 t + 0.000292213 t^2, \quad (162)$$

$$v_{2,2} = 0.0000634454 + 0.0129814 t - 0.00242657 t^2, \quad (163)$$

$$v_{3,2} = 0.56 - 0.00178634 t + 0.00232658 t^2, \quad (164)$$

⋮

Term ke-tiga dari penyelesaian MPH,

$$x(t) = \sum_{j=0}^2 v_{1,j} \quad (165)$$

$$= 0.999937 - 0.0130023 t + 0.000292213 t^2$$

$$y(t) = \sum_{j=0}^2 v_{2,j}$$

$$= 0.0000634454 + 0.0129814 t - 0.00242657 t^2, \quad (166)$$

$$z(t) = \sum_{j=0}^2 v_{3,j} = 0.056 - 0.00178634 t + 0.00232658 t^2. \quad (167)$$

Dalam artikel ini, MPH dihitung sampai term ke sepuluh untuk menghasilkan penyelesaian yang bias dipercaya. MPH juga dapat dihitung untuk term yang lebih besar lagi untuk mencapai penyelesaian eksak.

5.5. Pengaplikasian MAH untuk penyebaran Model SIR dari Penyakit Demam berdarah

Pada bagian ini, kita gunakan MAH untuk menyelesaikan model SIR dari penyakit demam berdarah. Untuk menyelesaikan model SIR tersebut, kita defenisikan operator tak linier sebagai

$$N[\phi(t; p)] = \alpha x(t)z(t) \quad (168)$$

$$N[\phi(t; p)] = \alpha x(t)z(t) \quad (169)$$

$$N[\phi(t; p)] = \gamma x(t)y(t) \quad (170)$$

Dan operator linier sebagai

$$L[\phi(t; p)] = \frac{dx(t)}{dt} + \mu_h x(t) \quad (171)$$

$$L[\phi(t; p)] = \frac{dy(t)}{dt} + \beta y(t) \quad (172)$$

$$L[\phi(t; p)] = \frac{dz(t)}{dt} + \delta z(t) \quad (173)$$

Dengan sifat

$$L[c_1] = 0 \quad (174)$$

Dimana c_1 adalah pengintegralan konstanta. Gunakan defenisi diatas, kita bangun persamaan deformasi order nol.

$$(1-p)L[\phi(t; p) - x_0(t)] = pN\hbar\phi(t; p) \quad (175)$$

$$(1-p)L[\phi(t; p) - y_0(t)] = pN\hbar\phi(t; p) \quad (176)$$

$$(1-p)L[\phi(t; p) - z_0(t)] = pN\hbar\phi(t; p) \quad (177)$$

Jelas sekali ketika $p = 0$ dan $p = 1$

$$\phi(t; 0) = x_0(t) \text{ dan } \phi(t; 1) = x(t) \quad (178)$$

$$\phi(t; 0) = y_0(t) \text{ dan } \phi(t; 1) = y(t) \quad (179)$$

$$\phi(t; 0) = z_0(t) \text{ dan } \phi(t; 1) = z(t) \quad (180)$$

Oleh karena itu, parameter tertanam p naik dari 0 ke 1, $\phi(t; p)$ dari tebakan awal $x_0(t)$, $y_0(t)$ dan $z_0(t)$ ke penyelesaian $x(t)$, $y(t)$ dan $z(t)$. Maka kita hasilkan persamaan deformasi order ke m

$$L[x_m(t) - \chi_m x_{m-1}(t)] = \hbar R_m[\vec{x}_{m-1}(t)], \quad (181)$$

$$L[y_m(t) - \chi_m y_{m-1}(t)] = \hbar R_m[\vec{y}_{m-1}(t)], \quad (182)$$

$$L[z_m(t) - \chi_m z_{m-1}(t)] = \hbar R_m[\vec{z}_{m-1}(t)], \quad (183)$$

dengan syarat

$$x_m(0) = 0, y_m(0) = 0 \text{ dan } z_m(0) = 0, \quad (184)$$

Dimana

$$R_m \vec{x}_{m-1} = \frac{dx_{m-1}}{dt} - \mu_h(1 - x_{m-1}) + \alpha x_{m-1} z_{m-1} \quad (185)$$

$$R_m \vec{y}_{m-1} = \frac{dy_{m-1}}{dt} - \alpha x_{m-1} z_{m-1} + \beta y_{m-1} \quad (186)$$

$$R_m \vec{z}_{m-1} = \frac{dz_{m-1}}{dt} - \gamma(1 - z_{m-1}) y_{m-1} + \delta z_{m-1} \quad (187)$$

Sekarang, penyelesaian persamaan deformasi order ke m (181)-(183) untuk $m \geq 1$ menjadi

$$x_m(t) = \chi_m x_{m-1}(t) + \hbar L^{-1}[R_m(\vec{x}_{m-1})] \quad (188)$$

$$y_m(t) = \chi_m y_{m-1}(t) + \hbar L^{-1}[R_m(\vec{y}_{m-1})] \quad (189)$$

$$z_m(t) = \chi_m z_{m-1}(t) + \hbar L^{-1}[R_m(\vec{z}_{m-1})] \quad (190)$$

Dari (188)-(189) dengan , kita sukses menghasilkan

$$x_1(t) = 0.0130023 \text{ h t} \quad (191)$$

$$y_1(t) = -0.0129814 \text{ h t} \quad (192)$$

$$z_1(t) = 0.00178634 \text{ h t} \quad (193)$$

$$x_2(t) = \text{h (0.0130023 + h (0.0130023 + 0.000292213 t)) t} \quad (194)$$

$$y_2(t) = \text{h (-0.0129814 + h (-0.0129814 - 0.00242657 t)) t} \quad (195)$$

$$z_2(t) = \text{h (0.00178634 + h (0.00178634 + 0.00232658 t)) t} \quad (196)$$

⋮

$$\begin{aligned} x_9(t) = & \text{h t (0.00650106 + h (0.0520084 + 0.000989346 t)} \\ & - 0.00243469 \text{ h}^2 (-10.1851 + t) (7.34063 + t) \\ & - 0.000428958 \text{ h}^3 (-5.29982 + t) (4.60885 + t) (34.7459 + t) \\ & - 4.2441 \times 10^{-6} \text{ h}^5 (-2.71198 + t) (2.6422 + t) (41.961 \\ & + t) (285.291 + 17.5578 t + t^2) - 0.0000630769 \text{ h}^4 (-3.58688 \\ & + t) (3.35883 + t) (598.835 + 34.2308 t + t^2) - 3.63559 \times 10 \\ & - 9 \text{ h}^7 (-1.82348 + t) (1.85195 + t) (45.9417 + t) (108.68 \\ & + 7.81085 t + t^2) (848.425 + 40.684 t + t^2) - 1.71718 \times 10 \\ & - 7 \text{ h}^6 (-2.18059 + t) (2.1776 + t) (165.886 + 11.051 t \\ & + t^2) (1345.75 + 63.0985 t + t^2) - 3.42828 \times 10 \\ & - 11 \text{ h}^8 (-1.56695 + t) (1.61103 + t) (76.8168 + 5.92602 t \\ & + t^2) (582.289 + 29.3336 t + t^2) (1679.4 + 70.7431 t + t^2)) \end{aligned} \quad (197)$$

$$\begin{aligned} y_9(t) = & \text{h t (0.00648019 + h (0.0518415 + 0.00753665 t) + h}^2 (0.181445 \\ & + 0.0527565 t + 0.00532649 t^2) + 0.00130479 \text{ h}^3 (18.8384 \\ & + t) (14.7636 + 5.65524 t + t^2) + 0.0000117427 \text{ h}^5 (30.714 \\ & + t) (5.1273 + 2.92311 t + t^2) (196.238 + 24.3779 t + t^2) \\ & + 0.000170313 \text{ h}^4 (8.12912 + 3.87288 t + t^2) (327.639 \\ & + 34.4327 t + t^2) + 8.91809 \times 10^{-9} \text{ h}^7 (37.9455 + t) (2.56996 \\ & + 1.9474 t + t^2) (85.4541 + 14.2503 t + t^2) (697.568 \\ & + 46.5838 t + t^2) + 4.49146 \times 10^{-7} \text{ h}^6 (3.52435 + 2.33985 t \\ & + t^2) (124.977 + 18.1441 t + t^2) (917.17 + 57.9493 t + t^2) \\ & + 7.48431 \times 10^{-11} \text{ h}^8 (1.95642 + 1.66613 t + t^2) (61.8578 \\ & + 11.6651 t + t^2) (480.128 + 36.6988 t + t^2) (1490.13 \\ & + 69.1273 t + t^2)) \end{aligned} \quad (198)$$

$$\begin{aligned}
z_9(t) = & \mathbf{h} \mathbf{t} (0.00176388 + \mathbf{h} (0.014111 - 0.0181237 \mathbf{t}) \\
& - 0.00685209 \mathbf{h}^2 (-0.38144 + \mathbf{t}) (18.8963 + \mathbf{t}) \\
& - 0.000266679 \mathbf{h}^4 (-0.188767 + \mathbf{t}) (27.2036 + \mathbf{t}) (90.1624 \\
& + 11.1193 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) - 0.00203391 \mathbf{h}^3 (-0.252556 + \mathbf{t}) (192.295 \\
& + 20.4661 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) - 9.99596 \times 10^{-7} \mathbf{h}^6 (-0.125412 \\
& + \mathbf{t}) (29.0349 + \mathbf{t}) (33.2557 + 5.35292 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) (408.016 \\
& + 29.4299 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) - 3.3596 \times 10^{-10} \mathbf{h}^8 (-0.0938972 \\
& + \mathbf{t}) (30.7177 + \mathbf{t}) (17.1227 + 3.41863 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) (233.497 \\
& + 18.0832 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) (455.288 + 29.7748 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) \\
& - 0.0000212222 \mathbf{h}^5 (-0.150702 + \mathbf{t}) (51.5343 + 7.31133 \mathbf{t} \\
& + \mathbf{t}^2) (599.309 + 43.1035 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) - 2.75153 \times 10^{-8} \\
& - 8 \mathbf{h}^7 (-0.10739 + \mathbf{t}) (23.2175 + 4.18525 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) (295.97 \\
& + 21.8287 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2) (694.954 + 46.7509 \mathbf{t} + \mathbf{t}^2)) \quad (199)
\end{aligned}$$

Pada akhirnya, kita gunakan Sembilan term untuk mendapatkan penyelesaian aproksimasi sebagai berikut

$$x_{app}(t) = \sum_{i=0}^9 x_i \quad (200)$$

$$x_{app}(t) = \sum_{i=0}^9 y_i \quad (201)$$

$$x_{app}(t) = \sum_{i=0}^9 z_i \quad (202)$$

5.6. Pengaplikasian MDAM untuk penyebaran Model SIR dari Penyakit Demam Berdarah

Untuk mendemonstrasikan keefektifan algoritma MDAM yang didiskusikan diatas, kita gunakan rumus dalam pers. (34) atas model SIR dari penyakit demam berdarah dalam, kita tulis

$$x_0 = x(t^*), y_0 = y(t^*), z_0 = z(t^*), \quad (203)$$

$$x_1 = \int_{t^*}^t \mu_h (1 - x_0(s)) ds - \alpha \int_{t^*}^t A_{1,0}(s) ds, \quad (204)$$

$$y_1 = \alpha \int_{t^*}^t A_{1,0}(s) ds - \beta \int_{t^*}^t y_0(s) ds, \quad (205)$$

$$z_1 = \gamma \int_{t^*}^t y_0(s) ds - \gamma \int_{t^*}^t A_{2,0}(s) ds - \delta_1 \int_{t^*}^t z_0(s) ds, \quad (206)$$

Dimana $A_{i,j}, i=1,2,\dots,6; j=1,2,\dots$ adalah polinomial Adomian dalam model SIR dari penyakit demam berdarah, yaitu. $A_{1,j} = xy, A_{2,j} = zy$. Jadi dari (203)–(206), penyelesaian eksplisit untuk model SIR dari penyakit demam berdarah adalah

$$x = \sum_{r=0}^{\infty} a_r \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \quad (207)$$

$$y = \sum_{r=0}^{\infty} b_r \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \quad (208)$$

$$z = \sum_{r=0}^{\infty} c_r \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \quad (209)$$

where the coefficients are given by the recurrence relations,

$$a_0 = x(t^*), b_0 = y(t^*), c_0 = z(t^*), \quad (210)$$

$$a_r = \mu_h - \mu_h a_{r-1} - \alpha(r-1)! \sum_{k=0}^{r-1} \frac{a_k b_{r-k-1}}{k!(r-k-1)!}, \quad (211)$$

$$b_r = \alpha(r-1)! \sum_{k=0}^{r-1} \frac{a_k b_{r-k-1}}{k!(r-k-1)!} - \beta b_{r-1}, \quad (212)$$

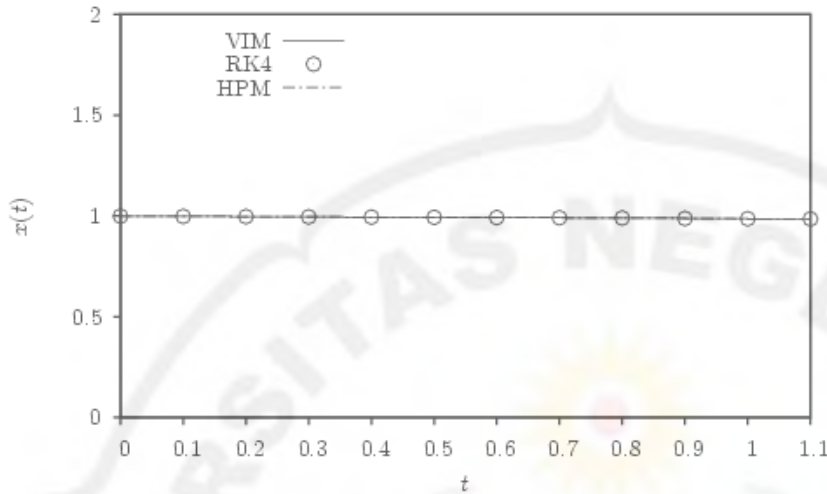
$$c_r = \gamma c_{r-1} - \gamma(r-1)! \sum_{k=0}^{r-1} \frac{b_k c_{r-k-1}}{k!(r-k-1)!} - \delta_1 c_{r-1}, \quad (213)$$

5.7. Hasil dan Diskusi

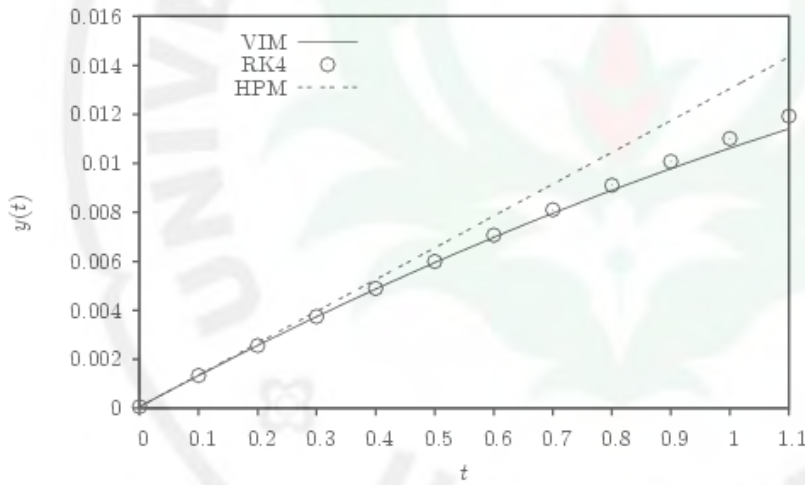
Dari data yang diperoleh peneliti (KKM, 2007-2008), rate terinfeksi bagi manusia untuk disembuhkan adalah $(\gamma_h) = 0.3288330$, rate kontak efektif, manusia ke nyamuk adalah $(b\beta_v) = 0.3750000$, rate kontak efektif, manusia ke nyamuk adalah $(b\beta_h) = 0.7500000$, rentang kehidupan manusia $(\mu_h) = 0.0000460$, rentang kehidupan nyamuk $(\mu_v) = 0.0323000$. Iterasi dan term telah diawali oleh $x(0) = \frac{7675406}{7675893}$,

$$y(0) = \frac{487}{7675893}, \text{ dan } z(0) = 0.056. \text{ Iterasi dari Model SIR telah dikodekan menggunakan}$$

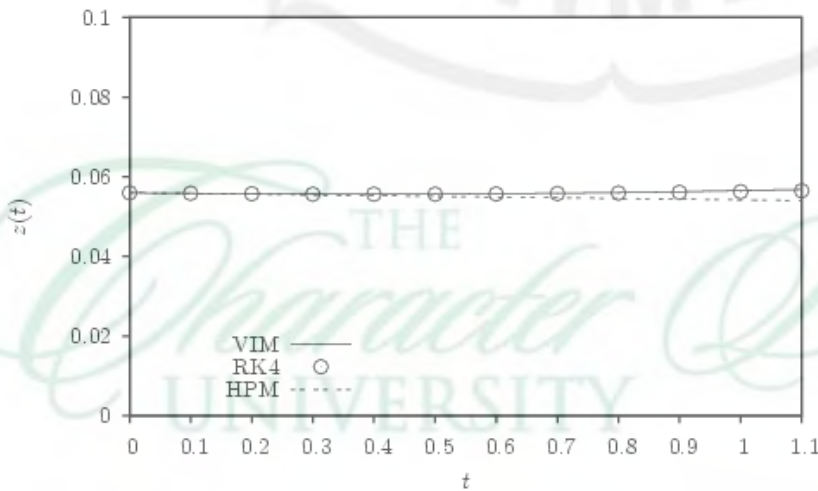
paket MAPLE dan MATHEMATICA dengan menggunakan digit 16. MIV iterasi ke 10, MPH term ke 10, MAH term ke-10, MDAM term ke-5 RK4 pada $\Delta t = 0.001$ digunakan untuk mendapatkan penyelesaian dari model SIR penyakit demam berdarah. Kemudian ditampilkan perbandingan antara hasil dari MPH, MIV dan data real pada gambar 7. Kemudian kita tunjukkan perbandingan hasil dari penyelesaian MPH, MIV dan RK4 dalam gambar 2. Dari gambar 8 dapat dilihat MPH lebih akurat dibandingkan MIV. MIV akan divergen untuk interval $t \geq 7$ dan iterasi hanya berhenti pada iterasi ke 10, sedangkan MPH akan konvergen untuk term lebih dari sepuluh. Gambar 9 menunjukkan jumlah manusia yang rentan $(x(t))$, jumlah manusia yang terinfeksi $(y(t))$ dan nyamuk yang terinfeksi dan menularkan ke manusia $(z(t))$ yang diselesaikan menggunakan masing-masing MPH dan MDAM dan RK4. Dari gambar 9 tampak jelas bahwa, MDAM mendekati hasil dari RK4 hingga interval $t \in [0,64]$, yang mana diketahui bahwa RK4 adalah benchmark untuk model SIR ini. Sedangkan MPH akan divergen pada interval waktu $t \geq 7$. Tabel 1 dan Tabel 2 menunjukkan galat hasil perbandingan MIV, MPH, MAH dan MDAM dengan RK4. Dari Table 1 dan Tabe3l 2 tampak jelas bahwa MDAM term ke 5 paling akurat dan penyelesaiannya lebih mendekati penyelesaian dari RK4 hingga interval waktu $t \in [0,64]$.



(a)

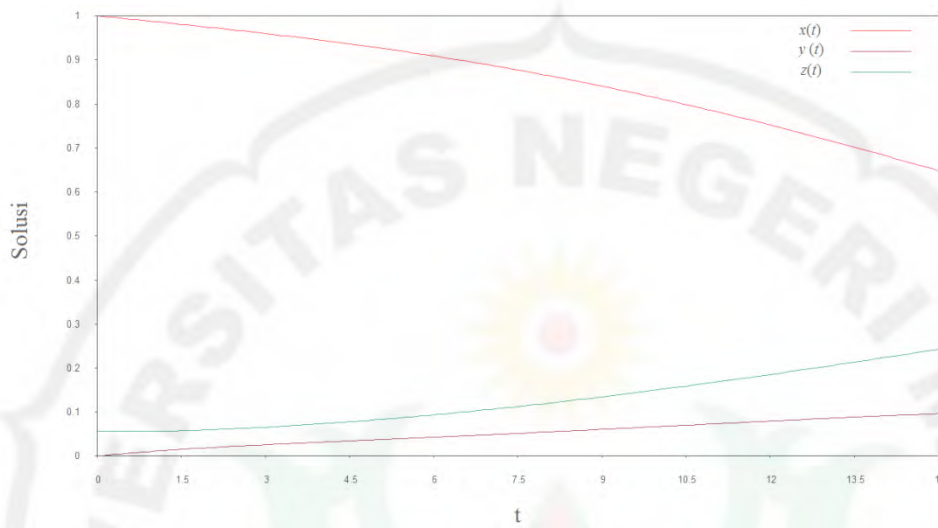


(b)

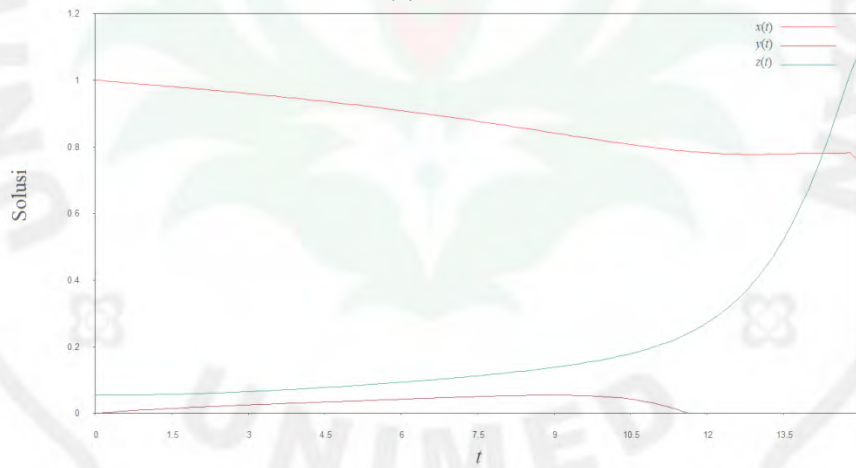


(c)

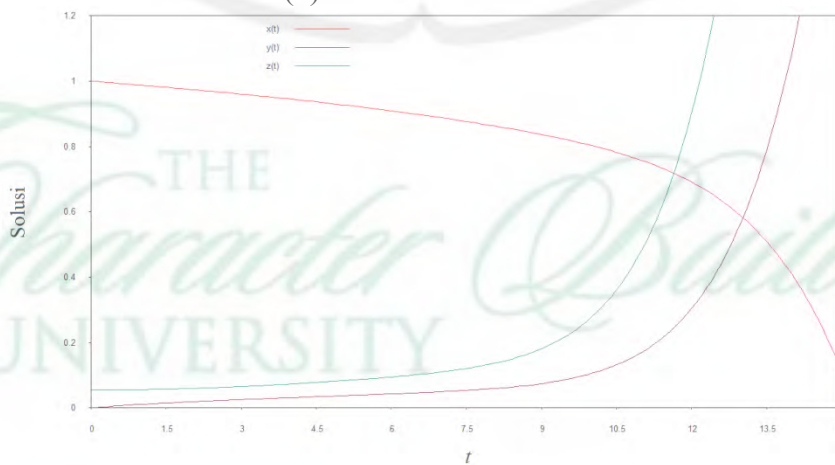
Gambar 7. Penyelesaian hampiran antara iterasi ke-2 dari MIV, term ke-2 dari MPH dan RK4 dengan $\Delta t = 0.001$ untuk kasus; (a) jumlah manusia yang rentan, (b) jumlah Manusia terinfeksi (c) Jumlah nyamuk terinfeksi



(a) RK4



(b) MIV iterasi ke-10



(c) MPH term ke-10

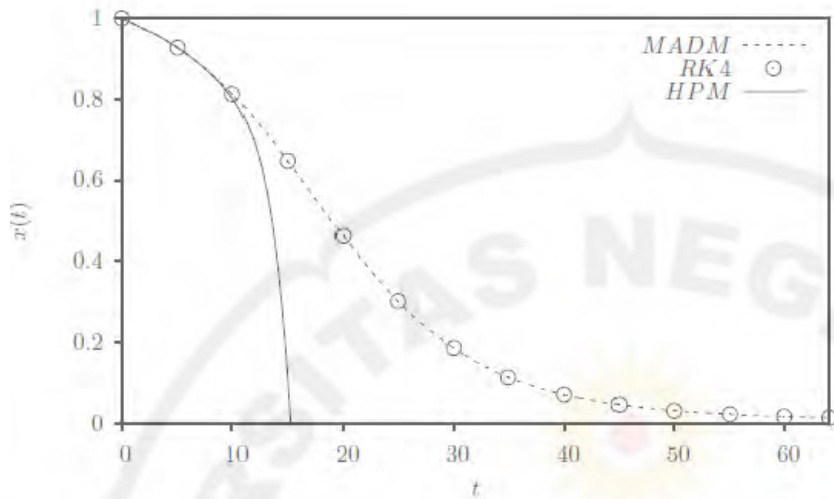
Gambar 8. Penyelesaian aproksimasi dari MIV iterasi ke 10, MPH term ke-10 dan RK4 untuk interval waktu $0 \leq t \leq 13$

Tabel 1. Galat Mutlak dari penyelesaian MPH dan MIV yang dibandingkan kepada RK4 dengan $h= 0:001$

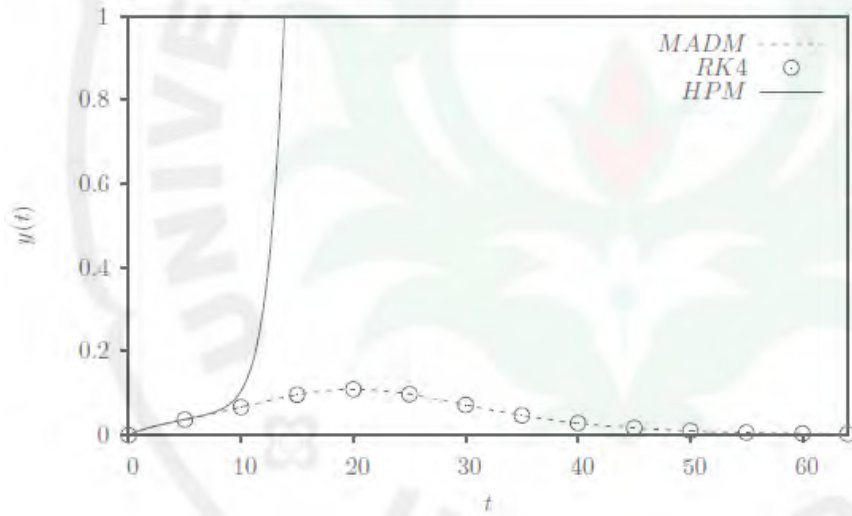
t	MIV			MPH		
	Δx	Δy	Δz	Δx	Δy	Δz
1	2.401 E-11	3.934 E-10	2.852 E-10	9.358 E-10	6.462 E-10	2.329 E-08
2	7.439 E-11	7.198 E-11	6.156 E-12	3.205 E-08	2.465 E-08	3.466 E-07
3	1.514 E-08	4.335 E-08	3.289 E-08	1.846 E-07	6.190 E-08	7.005 E-07
4	3.386 E-07	9.813 E-07	7.455 E-07	1.154 E-07	3.908 E-06	1.336 E-05
5	3.704 E-06	1.082 E-05	8.220 E-06	7.576 E-06	4.063 E-05	1.532 E-04
6	2.579 E-05	7.602 E-05	5.772 E-05	5.805 E-05	2.535 E-04	9.432 E-04
7	1.313 E-04	3.912 E-04	2.968 E-04	2.872 E-04	1.166 E-03	4.219 E-03
8	5.306 E-04	1.602 E-03	1.215 E-03	1.106 E-03	4.330 E-03	1.523 E-02
9	1.791 E-03	5.506 E-03	4.188 E-03	3.582 E-03	1.37 E-02	4.69 E-02
10	5.218 E-03	1.645 E-02	1.263 E-02	1.016 E-02	3.827 E-02	0.1277
11	1.335 E-02	4.379 E-02	3.44 E-02	2.598 E-02	9.664 E-02	0.3149
12	3.008 E-02	0.1055	8.677 E-02	6.099 E-02	0.2246	0.716

Tabel 2. Galat Mutlak dari penyelesaian MPH dan MDAM yang dibandingkan kepada RK4 dengan $h= 0:001$

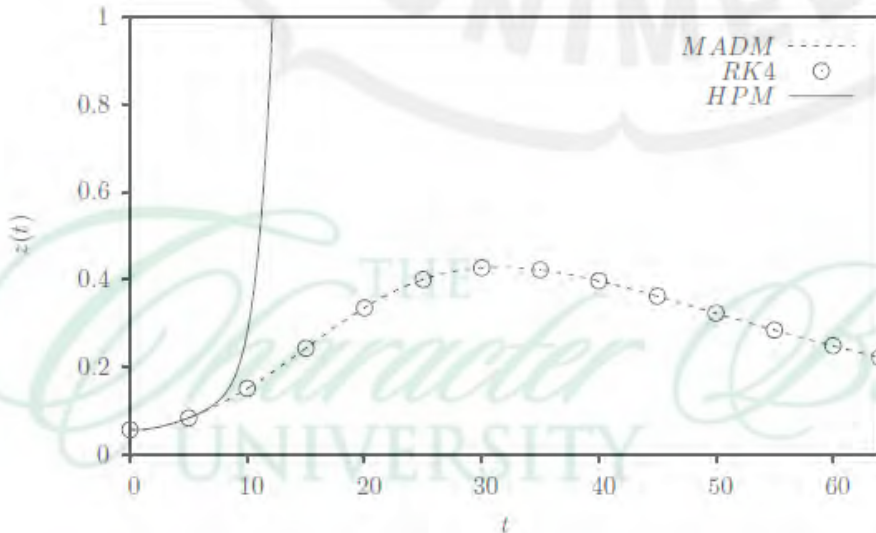
t	MAH			MDAM		
	Δx	Δy	Δz	Δx	Δy	Δz
1	1.759 E-08	3.553 E-09	3.624 E-08	2.364 E-06	1.343 E-08	1.524 E-09
2	2.136 E-06	7.740 E-07	4.457 E-06	4.694 E-06	5.168 E-08	1.208 E-08
3	3.456 E-05	1.869 E-05	7.341E-05	6.982 E-06	1.150 E-07	3.960 E-08
4	2.463 E-04	1.759 E-04	5.376 E-04	9.216 E-06	2.072 E-07	9.213 E-08
5	1.124 E-03	9.864 E-04	2.548 E-03	1.138 E-05	3.344 E-07	1.786 E-07
6	3.877 E-03	3.986 E-03	9.237 E-03	1.345 E-05	5.031 E-07	3.091 E-07
7	1.105 E-02	1.284 E-02	2.799 E-02	1.541 E-05	7.201 E-07	4.944 E-07
8	2.746 E-02	3.501 E-02	7.467 E-02	1.724 E-05	9.919 E-07	7.457 E-07
9	6.156 E-02	8.397 E-02	0.1811	1.891 E-05	1.323 E-06	1.074 E-06
10	0.1274	0.1819	0.4076	2.039 E-05	1.718 E-06	1.490 E-06
11	0.2476	0.3625	0.8636	2.167 E-05	2.175 E-06	2.000 E-06
12	0.4574	0.6736	1.739	2.273 E-05	2.693 E-06	2.610 E-06



(a) Jumlah nilai pendekatan dari manusia yang rentan penyakit demam berdarah



b. Jumlah nilai pendekatan dari manusia yang terinfeksi penyakit demam berdarah



c. Jumlah nilai pendekatan dari nyamuk yang terinfeksi penyakit demam berdarah

Gambar 9. Jumlah penyebaran penyakit demam berdarah untuk; (a) $x(t)$, (b) $y(t)$, (c) $z(t)$ yang dihasilkan menggunakan MPH, MDAM dan RK4

BAB VI KESIMPULAN DAN SARAN

6.1. Kesimpulan

1. Jumlah manusia yang terinfeksi akan mencapai puncak pada bulan ke-12 kemudian akan menurun hingga pada akhirnya tidak ada manusia yang terinfeksi (ini terjadi jika kita mengantisipasi gejala dari demam berdemam sedini mungkin)
2. Makin banyak manusia yang suspect makin sedikit yang infected begitu juga sebaliknya
3. Jumlah nyamuk yang terinfeksi berbanding lurus dengan jumlah manusia yang terinfeksi
4. Penggunaan metode semi numerikal analitik telah menjadi perhatian bagi para peneliti. Metode iterasi variasi (MIV), metode perturbasi Homotopi (MPH), Metode analisis Homotopi (MAH) dan metode dekomposisi Adomian multistage (MDAM).
5. Hasil penggunaan metode semi numeric analitik ini, MIV hanya akurat untuk interval waktu yang kecil tetapi, MPH adalah akurat untuk interval waktu yang lebih besar. Jika jumlah term ditambah, maka MPH akan mendekati solusi yang diperoleh dari RK4. Sedangkan MIV hanya mampu menghitung sampai iterasi ke-10, setelah itu, solusi akan divergen. MAH dan MDAM juga digunakan untuk mendapat penyelesaian yang akurat. Dari hasil yang diperoleh MDAM lebih akurat jika dibandingkan dengan MAH, MIV dan MPH.
6. MDAM biasa menjadi alternative metode untuk penyelesaian model SIR atau system nonlinier lainnya.

6.2. Saran

1. Model ini masih dapat dikembangkan lagi mengingat masih terdapat penyebab lain yang dapat dipertimbangkan seperti pencarian jumlah manusia yang sudah terkena tapi belum teridentifikasi sebagai penderita demam berdarah, adanya pemberian vaksin demam berdarah dan lain-lain.
2. Dalam memprediksi jumlah penderita maupun nyamuk sebagai vector dapat diselesaikan secara numeric. Metode analisis Homotopi multistage (MAHM) dapat menjadi alternative metode untuk menyelesaikan model SIR tersebut.
3. Setelah selesai penelitian tentang solusi numeric dari penyebaran penyakit demam berdarah dengan model SIR dan SEIR ini, bahan ajar dapat dibuat sebagai salah satu rujukan pada bidang kesehatan.

DAFTAR PUSTAKA

- Abbasbandy, S. 2006. Homotopy perturbation method for quadratic Riccati differential equation and comparison with Adomian's decomposition method. *Applied Mathematics and Computation* 172 (1): 485–490.
- Abbasbandy, S. 2009. Solitary wave solutions to the modified form of Camassa–Holm equation by means of the homotopy analysis method. *Chaos, Solitons & Fractals* 30: 428–435.
- Abdulaziz, O. & Hashim, I. & Chowdhury, M. S. H. & Zulkifle, A. K. 2007. Assessment of decomposition method for linear and nonlinear fractional differential equations. *Far East Journal of Applied Mathematics* 28: 95–112.
- Abdulaziz, O. & Hashim, I. & Momani, S. 2008. Series solution of time–fractional PDEs by homotopy analysis method. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation* 14: 674–684.
- Abdulaziz, O. & Hashim, I. & Momani, S. 2008. Solving systems of fractional differential equations by homotopy–perturbation method. *Physics Letters A* 372: 451–459.
- Adomian, G., 1989, *Nonlinear Stochastic Systems Theory and Applications to Physics*, Kluwer Dordrecht, USA.
- Alizadeh, E., Sedighi, K., Farhadi, M. & Ebrahimi-Kebria, H. R. 2009. Analytical approximate solution of the cooling problem by Adomian decomposition method. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation* 14 (2): 462–472.
- Alomari, A. K., Noorani, M. S. M. & Nazar, R. 2008. Solutions of heat–like and wave– like equations with variable coefficients by means of the homotopy analysis method. *Chinese Physics Letters* 25: 589–592.
- Alomari, A. K., Noorani, M. S. M. & Nazar, R. 2009b. Solution of delay differential equation by means of homotopy analysis method. *Acta Applicandae Mathematicae* 108: 395–412.
- Al-Sawalha, M. M. & Noorani, M. S. M. 2009. Application of the differential transformation method for the solution of the hyperchaotic Rössler system. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation* 14: 1509–1514.
- Arga & Davies, (2007) Southeast Asia battles dengue surge. *Climate Fears*.
- Ang K.C. & Li Z. (1999) Modeling the spread of dengue in Singapore. In Conference Proceedings for The International Congress on Modeling and Simulation 1999, Hamilton, New Zealand, December 1999, Vol. 2, p. 555-560.
- Biazar, J., Gholamin, P. & Hosseini, K. 2010. Variational iteration method for solving Fokker-Planck equation. *Journal of The Franklin Institute* 347 (7): 1137–1147.

- CDC, Dengue Fever Sheet. <http://www.cdc.gov/ncidod/dvbid/dengue/> (2008).
- CDC, Traveler's Health. Outbreak Notice: Update : Dengue, Tropical and Subtropical Regions. <http://www.cdc.gov/travel/content/outbreak-notice/dengue-tropical-subtropical.aspx> (2009).
- Derouich. M. dan Boutayeb. A, Dengue Fever (2006) Mathematical modelling and computer simulation. *Applied Mathematics and Computation*. **177**(2), 528-544
- Esteva L, & Vargas. C. 2000. Influence of vertical and mechanical transmission on the dynamics of dengue disease, *Math Biosciences* **167**,51-64
- Finlayson, B.A. (1972) The Method of Weighted Residuals and Variational Principles. Academic Press, New York.
- Fred Brauer and Carlos Castillo-Chavez, Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology, Springer-Verlag Inc., 273-332, 2001
- He, J.H & Wazwaz A.M. & L. Xua, (2007) The variational iteration method: Reliable, efficient, and promising, *Comput. Math. Appl.* 54 (7_8) 879_880.
- He. J.H. (2000) Variational iteration method for autonomous ordinary differential systems. *Appl Math Comput*, 114(23), 115–23.
- He .J.H. (1998) Approximate analytical solution of Blasius' equation. *Commun. Nonlinear Sci. Numer. Simulat.* 3, 260–263.
- Inokuti M, Sekine H, Mura T. General use of the Lagrange multiplier in nonlinear mathematical physics. In: Nemat-Nassed S, editor. *Variational method in the mechanics of solids*. Pergamon press; 1978. p. 156–62.
- KKRI. Newspaper Fact, *Tribun Timur*, Dengue Fever is still high in South Sulawesi., 24th May 2008.
- KKM. 2007. Health Facts 2007
- Lee H.L, (2000) Aedes: mosquitoes that spread dengue fever in mosquitoes and mosquitoes-borne diseases: biology, surveillance, control, personal and public protection measures. *Akademi Sains Malaysia*, 45-61.
- Liao, S.J. (1992) The homotopy analysis method and its applications in mechanics, PhD desertation, Shanghai Jiaotong University
- Murray J.D. (2001) *Mathematical Biology. 1. An introduction*. New York : (Springer-Verlag Berlin Heideilberg,).
- Nuraini, N. dan Soewono, E. dan Sidarto, K. A. ((2007).) Mathematical model of dengue disease transmission with severe DHF Compartment. *Bulletin of the Malaysian Mathematical Sciences Society* **30**(2):143-157

- Pongsumpun, P. & Tang, I. (2003) Transmission of dengue hemorrhagic fever in age structured population. *Mathematical and Computer Modelling* **37**: 949-961
- Pongsumpun, P. & Tang, I. (2001) A realistic age structured transmission model for dengue hemorrhagic fever in Thailand. *Mathematical and Computer Modelling* **32**: 336-340
- PRLog. (2008) *3 deaths of Dengue Fever in Selangor*. <http://www.prlog.org/10160663-3-deaths-of-dengue-fever-in-selangor.html>
- Soewono, E & Supriatna A.K. (2005) A two-dimensional model for the transmission of dengue fever disease. *Bulletin of the Malaysian Mathematical Sciences Society*: p. 49-57
- Sudariato (2010). Beware of dengue fever. <http://dinkes-sulsel.go.id/new/index.php>.
- Side S. dan Noorani M.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*. 9 (2), 96-105
- Tassier, T, (2009) *SIR model of epidemics*. www.ma.utexas.edu/users/mks/RA/SIR.pdf.
- WHO. (2009) *Fact sheets: Dengue and dengue haemorrhagic fever*. <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/en/>
- Yaacob.Y. (2007) Analysis of a Dengue Disease Transmission Model without Immunity. *MATEMATIKA*, **23**:75-81. (Universiti Teknologi Malaysia).
- Yulita Molliq R. & Noorani M.S.M.& Hashim I., (2009) Variational iteration method for fractional heat- and wave-like equations, *Nonlinear Anal. RWA* 10 (3), 1854-1869.
- Yulita Molliq R. & Noorani M.S.M.& Hashim I. dan Ahmad R.R., (2009) Approximate solutions of fractional Zakharov-Kuznetsov equations by VIM, *Journal of Computational and Applied Mathematics* 233, 103-108
- Evirgen, F. and Özdemir, N., "Multistage Adomian decomposition method for solving NLP problems over a nonlinear fractional dynamical system", *Journal of Computation Nonlinear Dynamics*, vol. 6, no. 2, Article number 021003, 2011.
- N.I. Razali, M.S.H. Chowdhury, W. Asrar, "The multistage adomian decomposition method for solving chaotic lü system", *Middle East Journal of Scientific Research*, vol. 13, pp. 43--49, 2013
- M.S.M. Noorani, I. Hashim, R. Ahmad, S.A. Bakar, E.S. Ismail and A.M. Zakaria, "Comparing numerical methods for the solutions of the Chen system", *Chaos Solitons Fractals*, vol. 32, pp. 1296--1304, 2007

LAMPIRAN

LAMPIRAN 1: Luaran berupa publikasi artikel:

- ▶ Side, S. and Noorani, MSM, A SIR Model for Spread of Dengue Fever Disease (Simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia), *World Journal of Modelling and Simulation*, 9 (2) pp. 96-105, 2013. (Untuk pemodelan)

LAMPIRAN 2: Luaran berupa artikel yang sudah disubmit ke ITB Journal of Science:

- ▶ R. Yulita Molliq, S. Side, M.S.M. Noorani, Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever Disease in South Sulawesi using Homotopy Perturbation Method and Variational Iteration Method ke *ITB Journal of Science*. (SIMULASI MODEL SIR)

Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever Disease in South Sulawesi using Homotopy Perturbation Method and Variational Iteration Method

R. Yulita Molliq¹, S. Side² & M.S.M. Noorani³

¹Department of mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Universitas Negeri Medan, UNIMED 20221, Medan, Sumatera Utara, Indonesia

²Department of mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Universitas Negeri Makasar, UNM 90245, Makasar, Sulawesi Selatan, Indonesia

³School of Mathematical Sciences, Faculty of Science and Technology, Universiti Kebangsaan Malaysia, UKM 43600 Bangi, Selangor, Malaysia

Email: yulitamolliq@yahoo.com

Abstract. In this research, the susceptible–infected–recovered (SIR) model of dengue fever disease is considered. We implement relatively new analytical techniques, the variational iteration method (VIM) and the homotopy perturbation method (HPM) for solving the SIR model. The Lagrange multiplier is investigated for VIM and the He’s polynomial approach for HPM is used. The two methods in applied mathematics can be used as alternative methods for obtaining analytical and approximate solutions for the SIR model. In these schemes, the solution takes the form of a convergent series with easily computable components. From the result, VIM solution is more accurate than HPM solution only for short time interval but HPM is more accurate than VIM for long time interval when it compared to fourth order Runge–Kutta (RK4). The methods perform extremely well in terms of efficiency and simplicity for this model.

Keywords: *Variational iteration method; homotopy perturbation method; SIR model; Lagrange multiplier; He’s polynomial.*

1 Introduction

Dengue fever is regarded as a serious infectious disease threatening about 2.5 billion people all over the world, especially in tropical countries. Dengue fever has become a major epidemic disease in Southeast Asia. Such an epidemic arises from climate change and is

made worse by the population's lack of knowledge about and awareness of dengue fever, so that dengue fever may become endemic [1]. Thus, building model for the dengue fever is important.

Mathematical models for dengue fever have investigated compartment dynamics using Susceptible, Infected, and Removed (SIR) models [2, 3, 4, 5, 6, 7]; these models have only scrutinized the formulation of the model. Side and Noorani [1] have modified the models in [8] and [11] and applied the collected real data reported by the Ministry of Health in South Sulawesi, Indonesia (KKRI) [8]. Finding the spreading number of population of this model [1] is interest to investigate. The precise method must be chosen to solve this model.

In this paper, Homotopy perturbation method (HPM) and variational iteration method (VIM) which are proposed by He [9,10] and [11], respectively. The Lagrange multiplier is investigated for VIM and the He's polynomial approach for HPM is used. Over the years, VIM and HPM have grown into a widely appreciated theory. Researchers have shown further applications of VIM and HPM. Wu, and Baleanu [12] obtained the approximate solution of differential equations to q -fractional difference equations using VIM and Khodadadi and Celik [13] using VIM to find the approximate solution of fuzzy fractional differential equations with uncertainty. Elbeleze et al. [14] used HPM to obtain the approximate solution of fractional Black-Scholes European option pricing equations with sumudu transform approach and Samaee et al. [15] find the numerical analytic solution of radius of curvature beam equation using HPM and parameterized perturbation method. The procedure of the two methods for the SIR model will be discussed later. In this paper also matching the empirical data with its approximate solution.

2 Susceptible Infected Recovery (SIR) of Dengue Fever in South Sulawesi

Side and Noorani [1] defined a SIR model of dengue fever which model in the following equation

$$\frac{dx}{dt} = \mu_h(1 - x(t)) - \alpha x(t)z(t), \quad (1)$$

$$\frac{dy}{dt} = \alpha x(t)z(t) - \beta y(t), \quad (2)$$

$$\frac{dz}{dt} = \gamma(1 - z(t))y(t) - \delta_1 z(t), \quad (3)$$

where $x = \frac{S_h}{N_h}$, $y = \frac{I_h}{N_h}$, $z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A/\mu_v}$, $\alpha = \frac{b\beta_h A}{\mu_v N_h}$, $\beta = \gamma_h + \mu_h$ and $\gamma = b\beta_v$, $\delta = \mu_v$. According to Side and Noorani [1], N_h is the human population, S_h is people who may potentially get infected with dengue virus, I_h is people who are infected with dengue. R_h is people who have recovered, The vector population of mosquitoes (N_v) is divided into two groups: mosquitoes that may potentially become infected with dengue virus (susceptible; S_v) and mosquitoes that are infected with dengue virus (I_v). $b\beta_h$ is sufficient rate of correlation of vector population to human population.

3 Homotopy Perturbation Method

To implement HPM, firstly, we write a general system of differential equation in the operator form:

$$\frac{du_1}{dt} + g_1(t, u_1, u_2, \dots, u_m) = f_1(t), \quad (4)$$

$$\frac{du_2}{dt} + g_2(t, u_1, u_2, \dots, u_m) = f_2(t), \quad (5)$$

⋮

$$\frac{du_m}{dt} + g_m(t, u_1, u_2, \dots, u_m) = f_m, \quad (6)$$

subject to the initial conditions

$$u_1(t_0) = c_1, \quad u_2(t_0) = c_2, \quad \dots \quad u_m(t_0) = c_m. \quad (7)$$

Then we write system (4)–(6) in the following operator form:

$$L(u_1) + N_1(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_1(t) = 0, \quad (8)$$

$$L(u_2) + N_2(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_2(t) = 0, \quad (9)$$

⋮

$$L(u_m) + N_m(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_m(t) = 0, \quad (10)$$

subject to the initial conditions (7), where $L = d/dt$ is linear operator and N_1, N_2, \dots, N_m are nonlinear operators. We shall next present the solution approaches of (8)–(10) based on the standard HPM.

According to HPM, we construct a homotopy for (8)–(10) which satisfies the following relations:

$$L(u_1) - L(v_1) + pL(v_1) + p[N_1(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_1(t)] = 0, \quad (11)$$

$$L(u_2) - L(v_2) + pL(v_2) + p[N_2(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_2(t)] = 0, \quad (12)$$

⋮

$$L(u_m) - L(v_m) + pL(v_m) + p[N_m(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_m(t)] = 0, \quad (13)$$

where $p \in [0, 1]$ is an embedding parameter and v_1, v_2, \dots, v_m are initial approximations which satisfying the given conditions. It is obvious that when the perturbation parameter $p = 0$, Eqs. (11)–(13) become a linear system of equations and when $p = 1$ we get the original nonlinear system of equations. Let us take the initial approximations as follows:

$$u_{1,0}(t) = v_1(t) = u_1(t_0) = c_1, \quad (14)$$

$$u_{2,0}(t) = v_2(t) = u_2(t_0) = c_2, \quad (15)$$

⋮

$$u_{m,0}(t) = v_m(t) = u_m(t_0) = c_m. \quad (16)$$

And

$$u_1(t) = u_{1,0}(t) + pu_{1,1}(t) + p^2u_{1,2}(t) + \dots, \quad (17)$$

$$u_2(t) = u_{2,0}(t) + pu_{2,1}(t) + p^2u_{2,2}(t) + \dots, \quad (18)$$

⋮

$$u_m(t) = u_{m,0}(t) + pu_{m,1}(t) + p^2u_{m,2}(t) + \dots, \quad (19)$$

where $u_{i,j}$ ($i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots$) are functions yet to be determined. Substituting (14)–(19) into (11)–(13) and arranging the coefficients of the same powers of p , we get

$$L(u_{1,1}) + L(v_1) + N_1(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_1 = 0, \quad u_{1,1}(t_0) = 0, \quad (20)$$

$$L(u_{2,1}) + L(v_2) + N_2(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_2 = 0, \quad u_{2,1}(t_0) = 0, \quad (21)$$

⋮

$$L(u_{m,1}) + L(v_m) + N_m(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_m = 0, \quad u_{m,1}(t_0) = 0, \quad (22)$$

And

$$L(u_{1,2}) + N_1(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_1 = 0, \quad u_{1,2}(t_0) = 0, \quad (23)$$

$$L(u_{2,2}) + N_2(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_2 = 0, \quad u_{2,2}(t_0) = 0, \quad (24)$$

⋮

$$L(u_{m,2}) + N_m(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_m = 0, u_{m,2}(t_0) = 0, \quad (25)$$

etc. We solve the above systems of equations for the unknowns $u_{i,j}$ ($i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots$) by applying the inverse operator

$$L^{-1}(\cdot) = \int_0^t (\cdot) dt. \quad (26)$$

Therefore, according to HPM the n -term approximations to the solutions of (8)–(10) can be expressed as

$$\phi_{1,n}(t) = u_1(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_1(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{1,k}(t), \quad (27)$$

$$\phi_{2,n}(t) = u_2(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_2(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{2,k}(t), \quad (28)$$

⋮

$$\phi_{m,n}(t) = u_m(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_m(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{m,k}(t), \quad (29)$$

4 Variational Iteration Method (VIM)

To introduce the basic concepts of VIM, we consider the following nonlinear differential equation:

$$Lu_i(t) + Nu_i(t) = g_i(t), \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (30)$$

where L is a linear operator, N is a nonlinear operator, and $g_i(t)$ is an inhomogeneous term. According the VIM, one can construct a correction functional as follows:

$$u_{i,n+1} = u_{i,n} + \int_0^t \lambda_i(s) [Lu_{i,n}(s) + N\widetilde{u}_{i,n}(s) - g_i(t)] ds, \quad (31)$$

where λ_i , $i = 1, 2, \dots, n$ are the Lagrange multiplier [16] which can be identified optimally via the variational theory, and $\widetilde{u}_{i,n}(s)$ are considered as restricted variations, i.e. $\delta \widetilde{u}_{i,n}(s) = 0$. Once we have determined the Lagrange multiplier, we use VIM to perform the iteration using the initial approximation, which we choose by linearized solution of the equation which satisfies the initial condition. Therefore, we can successively approximate or even reach the exact solution by using

$$u(t) = \lim_{n \rightarrow \infty} u_{i,n}(t) \quad (32)$$

5. Implementation of HPM

First, write The SIR model of dengue fever in the following form:

$$\frac{dx}{dt} = \mu_h(1 - x(t)) - \alpha x(t)z(t), \quad (33)$$

$$\frac{dy}{dt} = \alpha x(t)z(t) - \beta y(t), \quad (34)$$

$$\frac{dz}{dt} = \gamma(1 - z(t))y(t) - \delta_1 z(t), \quad (35)$$

subject to the initial conditions

$$x(t_0) = c_1, \quad y(t_0) = c_2, \quad z(t_0) = c_3, \quad (36)$$

Then we write system (30)–(32) in the operator form:

According to HPM, we construct a homotopy for (33)–(35) which satisfies the following

relations:

$$v'_1 - x'_0 + p(x'_0 - \mu_h(1 - v_1) + \alpha v_1 v_3) = 0, \quad (37)$$

$$v'_2 - y'_0 + p(y'_0 - \alpha v_1 v_3 + \beta v_2) = 0, \quad (38)$$

$$v'_3 - z'_0 + p(z'_0 - \gamma(1 - v_3)v_2 + \delta_1 v_3) = 0. \quad (39)$$

Let us choose the initial approximations as

$$v_{1,0}(t) = x_0(t) = v_1(0) = c_1, \quad (40)$$

$$v_{2,0}(t) = y_0(t) = v_2(0) = c_2, \quad (41)$$

$$v_{3,0}(t) = z_0(t) = v_3(0) = c_3, \quad (42)$$

and

$$v_1(t) = v_{1,0}(t) + p v_{1,1}(t) + p^2 v_{1,2}(t) + p^3 v_{1,3}(t) + \dots, \quad (43)$$

$$v_2(t) = v_{2,0}(t) + p v_{2,1}(t) + p^2 v_{2,2}(t) + p^3 v_{2,3}(t) + \dots, \quad (44)$$

$$v_3(t) = v_{3,0}(t) + p v_{3,1}(t) + p^2 v_{3,2}(t) + p^3 v_{3,3}(t) + \dots, \quad (45)$$

where $v_{i,j}$ ($i = 1, 2; j = 1, 2, 3, \dots$) are functions yet to be determined. Substituting (40)–(45) into (37)–(39) and collecting terms of the same powers of p , we have

$$v'_{1,1} + \alpha v_{1,0} v_{3,0} + \mu_h v_{1,0} - \mu_h = 0, \quad v_{1,1}(0) = 0, \quad (46)$$

$$v'_{2,1} - \alpha v_{1,0} v_{3,0} + \beta v_{2,0} = 0, \quad v_{2,1}(0) = 0, \quad (47)$$

$$v'_{3,1} - \gamma v_{2,0} + \delta_1 v_{3,0} + \gamma v_{2,0} v_{3,0} = 0 \quad v_{3,1}(0) = 0, \quad (48)$$

$$v'_{1,2} + \mu_h v_{1,1} + \alpha v_{1,1} v_{3,0} + \alpha v_{1,0} v_{3,1} = 0 \quad v_{1,2}(0) = 0, \quad (49)$$

$$v'_{2,2} + \beta v_{2,1} - \alpha v_{1,1} v_{3,0} - \alpha v_{1,0} v_{3,1} = 0, \quad v_{2,2}(0) = 0, \quad (50)$$

$$v'_{3,2} - \gamma v_{2,1} + \gamma v_{2,1} v_{3,0} + \delta_1 v_{3,1} + \gamma v_{2,0} v_{3,1} = 0, \quad v_{3,2}(0) = 0, \quad (51)$$

$$v'_{1,3} + \alpha v_{1,0} v_{3,2} + \alpha v_{1,1} v_{3,1} + \alpha v_{1,2} v_{3,0} + \mu_h v_{1,2} = 0, \quad v_{1,3}(0) = 0, \quad (52)$$

$$v'_{2,3} + \beta v_{2,2} - \alpha v_{1,2} v_{3,0} - \alpha v_{1,1} v_{3,1} - \alpha v_{1,0} v_{3,2} = 0, \quad v_{2,3}(0) = 0, \quad (53)$$

$$v'_{3,3} - \gamma v_{2,2} + \gamma v_{2,2} v_{3,0} + \gamma v_{2,1} v_{3,1} + \delta_1 v_{3,2} + \gamma v_{2,0} v_{3,2} = 0, \quad v_{3,3}(0) = 0, \quad (54)$$

Solving the differential equations (49)–(54) we get,

$$v_{1,1} = \int_0^t [-\alpha v_{1,0} v_{3,0} - \mu_h v_{1,0} + \mu_h] ds, \quad (55)$$

$$v_{2,1} = \int_0^t [\alpha v_{1,0} v_{3,0} - \beta v_{2,0}] ds, \quad (56)$$

$$v_{3,1} = \int_0^t [\gamma v_{2,0} - \delta_1 v_{3,0} - \gamma v_{2,0} v_{3,0}] ds, \quad (57)$$

$$v_{1,2} = \int_0^t [-\mu_h v_{1,1} - \alpha v_{1,1} v_{3,0} - \alpha v_{1,0} v_{3,1}] ds, \quad (58)$$

$$v_{2,2} = \int_0^t [-\beta v_{2,1} + \alpha v_{1,1} v_{3,0} + \alpha v_{1,0} v_{3,1}] ds, \quad (59)$$

$$v_{3,2} = \int_0^t [\gamma v_{2,1} - \gamma v_{2,1} v_{3,0} - \delta_1 v_{3,1} - \gamma v_{2,0} v_{3,1}] ds, \quad (60)$$

$$v_{1,3} = \int_0^t [\alpha v_{1,0} v_{3,2} - \alpha v_{1,1} v_{3,1} - \alpha v_{1,2} v_{3,0} - \mu_h v_{1,2}] ds, \quad (61)$$

$$v_{2,3} = \int_0^t [-\beta v_{2,2} + \alpha v_{1,2} v_{3,0} + \alpha v_{1,1} + \alpha v_{1,0} v_{3,2}] ds, \quad (62)$$

$$v_{3,3} = \int_0^t [\gamma v_{2,2} - \gamma v_{2,2} v_{3,0} - \gamma v_{2,1} v_{3,1} - \delta_1 v_{3,2} - \gamma v_{2,0} v_{3,2}] ds, \quad (63)$$

Taking the actual physiological data from Health Ministry of Indonesia[8], $c_1 = \frac{7675406}{7675893}$, $c_2 = \frac{487}{7675893}$, $c_3 = 0.056$ as well as $\alpha = 0.232198$, $\beta = 0.328879$, $\gamma = 0.375$, and $\delta_1 = 0.0323$ yields

$$v_{1,1} = 0.999937 - 0.0130023 t, \quad (64)$$

$$v_{2,1} = 0.0000634454 + 0.0129814 t, \quad (65)$$

$$v_{3,1} = 0.56 - 0.00178634 t, \quad (66)$$

$$v_{1,2} = 0.999937 - 0.0130023 t + 0.000292213 t^2, \quad (67)$$

$$v_{2,2} = 0.0000634454 + 0.0129814 t - 0.00242657 t^2, \quad (68)$$

$$v_{3,3} = 0.56 - 0.00178634 t + 0.00232658 t^2, \quad (69)$$

⋮

The 3-term HPM solutions,

$$\begin{aligned} x(t) &= \sum_{j=0}^2 v_{1,j} \\ &= 0.999937 - 0.0130023 t + 0.000292213 t^2 \end{aligned} \quad (70)$$

$$\begin{aligned} y(t) &= \sum_{j=0}^2 v_{2,j} \\ &= 0.0000634454 + 0.0129814 t - 0.00242657 t^2, \end{aligned} \quad (71)$$

$$\begin{aligned} z(t) &= \sum_{j=0}^2 v_{3,j} \\ &= 0.056 - 0.00178634 t + 0.00232658 t^2. \end{aligned} \quad (72)$$

In this paper, we calculated the HPM until tenth term to obtain the reliable solution. It can be calculated for more terms to reach the exact solution.

6. Implementation of VIM

First, we consider the SIR model which was written in (1)-(3). To apply VIM to SIR model, we construct the correction functional as follows:

$$x_{n+1}(t) = x_n + \int_0^t \lambda_1(s) \left[\frac{dx_n}{ds} - \mu_n(1 - x_n) + \alpha \widetilde{x_n z_n} \right] ds, \quad (73)$$

$$y_{n+1}(t) = y_n + \int_0^t \lambda_2(s) \left[\frac{dy_n}{ds} - \alpha \widetilde{x_n z_n} + \beta y_n \right] ds, \quad (74)$$

$$z_{n+1}(t) = z_n + \int_0^t \lambda_3(s) \left[\frac{dz_n}{ds} - \gamma y_n + \gamma \widetilde{y_n z_n} + \delta_1 z_n \right] ds, \quad (75)$$

where λ_i , $i = 1, 2, 3$ are a general Lagrange multiplier which can be identified optimally via the variational theory and the subscript n indicates the n th. To obtain the optimal $\lambda(s)$, we proceed as follows:

$$\delta x_{n+1} = \delta x_n + \int_0^t \delta \lambda_1(s) \left[\frac{dx_n}{ds} - \mu_h(1 - x_n) + \alpha \widetilde{x_n z_n} \right] ds, \quad (76)$$

$$\delta y_{n+1} = y_n + \int_0^t \delta \lambda_2(s) \left[\frac{dy_n}{ds} - \alpha \widetilde{x_n z_n} + \beta \widetilde{y_n} \right] ds, \quad (77)$$

$$z_{n+1} = z_n + \int_0^t \lambda_3(s) \left[\frac{dz_n}{ds} - \gamma \widetilde{y_n} + \gamma \widetilde{y_n z_n} + \delta_1 \widetilde{z_n} \right] ds, \quad (78)$$

where $\widetilde{x_n}$, $\widetilde{y_n}$ and $\widetilde{z_n}$ are considered as restricted variations, i.e., $\widetilde{x_n}, \widetilde{y_n} = 0$ and $\widetilde{z_n} = 0$. Then, we have

$$\delta x_{n+1} = \delta x_n + \int_0^t \delta \lambda_1(s) \left[\frac{dx_n}{ds} + \mu_h x_n \right] ds, \quad (79)$$

$$\delta y_{n+1} = y_n + \int_0^t \delta \lambda_2(s) \left[\frac{dy_n}{ds} + \beta y_n \right] ds, \quad (80)$$

$$\delta z_{n+1} = \delta z_n + \int_0^t \delta \lambda_3(s) \left[\frac{dz_n}{ds} + \delta_1 z_n \right] ds, \quad (81)$$

or

$$\delta x_{n+1} = \delta x_n + \int_0^t \left[\delta \lambda_1 \frac{dx_n}{ds} + \delta \lambda_1 \mu_h x_n \right] ds \quad (82)$$

$$\delta y_{n+1} = \delta y_n + \int_0^t \left[\delta \lambda_2(s) \frac{dy_n}{ds} + \delta \lambda_2 \beta y_n \right] ds \quad (83)$$

$$\delta z_{n+1} = \delta z_n + \int_0^t \left[\delta \lambda_3 \frac{dz_n}{ds} + \delta \delta_1 \lambda_3 z_n \right] ds \quad (84)$$

Thus, we obtain the following stationary conditions

$$\delta x_{n+1} = \delta(1 + \lambda_1)x_n + \int_0^t \delta[\lambda'_1 + \lambda_1 \mu_h]x_n ds, \quad (85)$$

$$\delta y_{n+1} = \delta(1 + \lambda_2)y_n + \int_0^t \delta[\lambda'_2 + \lambda_2 \beta]y_n ds, \quad (86)$$

$$\delta z_{n+1} = \delta(1 + \lambda_3)z_n + \int_0^t \delta[\lambda'_3 + \delta \delta_1 \lambda_3]z_n ds, \quad (87)$$

Thus, we obtain the following stationary conditions

$$\delta x_n : (1 - \lambda_1(t))|_{s=t} = 0,$$

$$\delta y_n : (1 - \lambda_2(t))|_{s=t} = 0,$$

$$\delta z_n : (1 - \lambda_3(t))|_{s=t} = 0,$$

$$\delta x'_n : \lambda'_1(s) + \mu_h \lambda_1(s)|_{s=t} = 0,$$

$$\delta y'_n : \lambda'_2(s) + \beta \lambda_2(s)|_{s=t} = 0,$$

$$\delta z'_n : \lambda'_3(s) + \delta_1 \lambda_3(s)|_{s=t} = 0,$$

Solving this system of equations yields

$$\begin{aligned} \lambda_1(s) &= -e^{\mu_h(s-t)}, \\ \lambda_2(s) &= -e^{\beta(s-t)}, \\ \lambda_3(s) &= -e^{\delta_1(s-t)}, \end{aligned} \quad (88)$$

Here, the general Lagrange multiplier in (88) is expanded by Taylor series and is chosen only one term in order to calculate, the general Lagrange multiplier can write as follows

$$\begin{aligned} \lambda_1(s) &= -1, \\ \lambda_2(s) &= -1, \\ \lambda_3(s) &= -1, \end{aligned} \quad (89)$$

Substituting the general Lagrange multipliers in (89) into the correction functional in (73)-(75) results in the following iteration formula:

$$x_{n+1}(t) = x_n - \int_0^t \left[\frac{dx_n}{ds} - \mu_h(1 - x_n) + \alpha x_n z_n \right] ds, \quad (90)$$

$$y_{n+1}(t) = y_n - \int_0^t \left[\frac{dy_n}{ds} - \alpha x_n z_n + \beta y_n \right] ds, \quad (91)$$

$$z_{n+1}(t) = z_n - \int_0^t \left[\frac{dz_n}{ds} - \gamma y_n + \gamma y_n z_n + \delta_1 z_n \right] ds. \quad (92)$$

The iteration starts with an initial approximation as by Health ministry of Indonesia [1], $c_1 = \frac{7675406}{7675893}$, $c_2 = \frac{487}{7675893}$, $c_3 = 0.056$ as well as $\alpha = 0.232198$, $\beta = 0.328879$, $\gamma = 0.375$, and $\delta_1 = 0.0323$. The iteration formula (90)-(92) now yields

$$x_1 = 0.9999365546 - 0.0130022687 t, \quad (93)$$

$$y_1 = 0.00006344538675 + 0.01298140513 t \quad (94)$$

$$z_1 = 0.056 - 0.001786340333 t, \quad (95)$$

$$x_2 = 0.9999365546 - 0.0130022687 t + 2.922132174 \times 10^{-4} t^2 - 1.797714851 \times 10^{-6} t^3, \quad (96)$$

$$y_2 = 0.00006344538675 + 0.01298140513 t + 0.1797714851 \times 10^{-5} t^3 - 0.002426569924 t^2, \quad (97)$$

$$z_2 = 0.056 - 0.001786340333 t + 0.002326579355 t^2 + 0.2898650945 \times 10^{-5} t^3, \quad (98)$$

$$x_3 = 0.9999365546 - 0.01300226807 t - 0.0001831331308 t^3 + 0.0002922132174 t^2 + 0.1728532016 \times 10^{-12} t^7 + 0.1290829001 \times 10^{-9} t^6 - 0.2997118573 \times 10^{-7} t^5 + 0.1623956764 \times 10^{-5} t^4, \quad (99)$$

$$y_3 = 0.00006344538675 + 0.01298140513 t + 0.000449144614 t^3 - 0.00242656993 t^2 - 0.1728532016 \times 10^{-12} t^7 - 0.1290829001 \times 10^{-9} t^6 + 0.2997118573 \times 10^{-7} t^5 - 0.1771743755 \times 10^{-5} t^4, \quad (100)$$

$$z_3 = 0.056 - 0.00178634033 t - 0.000308504557 t^3 + 0.002326579355 t^2 - 0.2791579206 \times 10^{-12} t^7 + 0.1782033109 \times 10^{-9} t^6 + 0.4208392710 \times 10^{-6} t^3 - 0.3102165044 \times 10^{-5} t^4, \quad (101)$$

and so on.

7. Result and Discussion

From data which defined in [1], the infected rate of host to recover (γ_h) = 0.3288330, the effective contact rate, human to vector ($b\beta_v$) = 0.3750000, the effective contact rate, vector to human ($b\beta_h$) = 0.7500000, the human life span (μ_h) = 0.0000460, the vector life span (μ_v) = 0.0323000. We started the iterate and term by $x_i(0) = \frac{7675406}{7675893}$,

$y_i(0) = \frac{487}{7675893}$, and $z_i(0) = 0.056$. The iterative system of SIR model was coded in the

Maple package by restricting the number of significant Digits in its environment to 16. We used a 10-iterate of HPM, 10-term of VIM and RK4 at $\Delta t = 0.001$. We then display the comparisons between results from HPM, VIM and RK4 in Figure 1 for $t \in [0, 13]$. From our viewpoint, for both the solution of the susceptible (x), the infected (y) and Recovery (z), it is obvious that VIM exhibits an erratic behavior because their graphs divert from the exact path shown by RK4 and HPM for long time interval. Both the HPM and RK4 solutions showed good synchronization at the time performed and both the results agree very well with each other. We note that, after we added its number of terms of HPM, the HPM solution of three state variables will converge to RK4 solution at certain times.

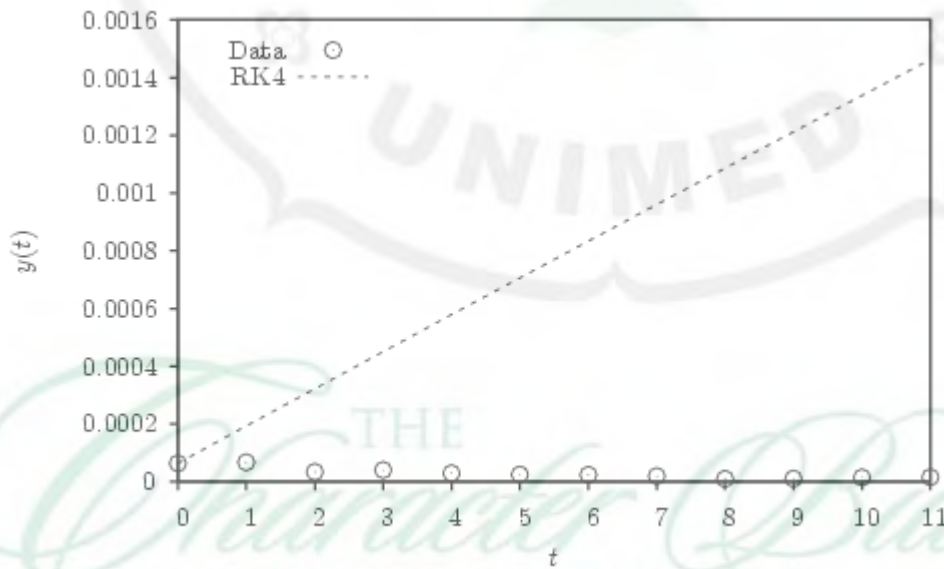
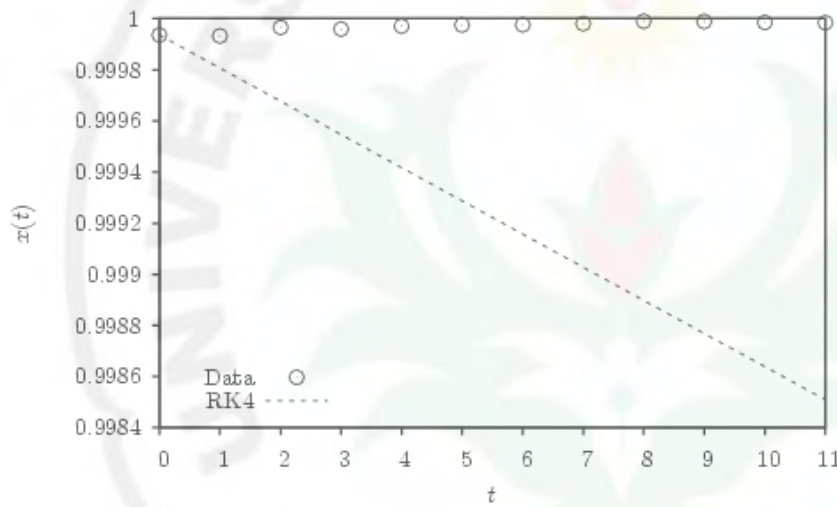
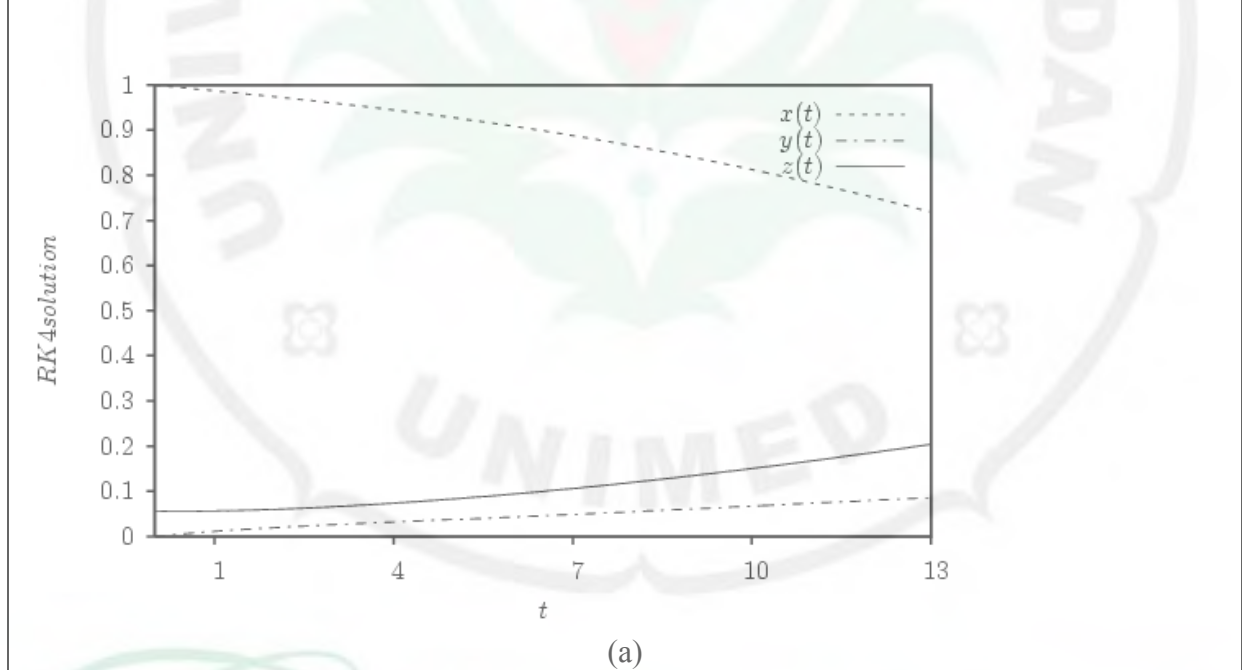




Figure 1. Comparison solution using RK4 for $\Delta t = 0.001$ and collected data from the health ministry of Indonesia



THE
Character Building
 UNIVERSITY

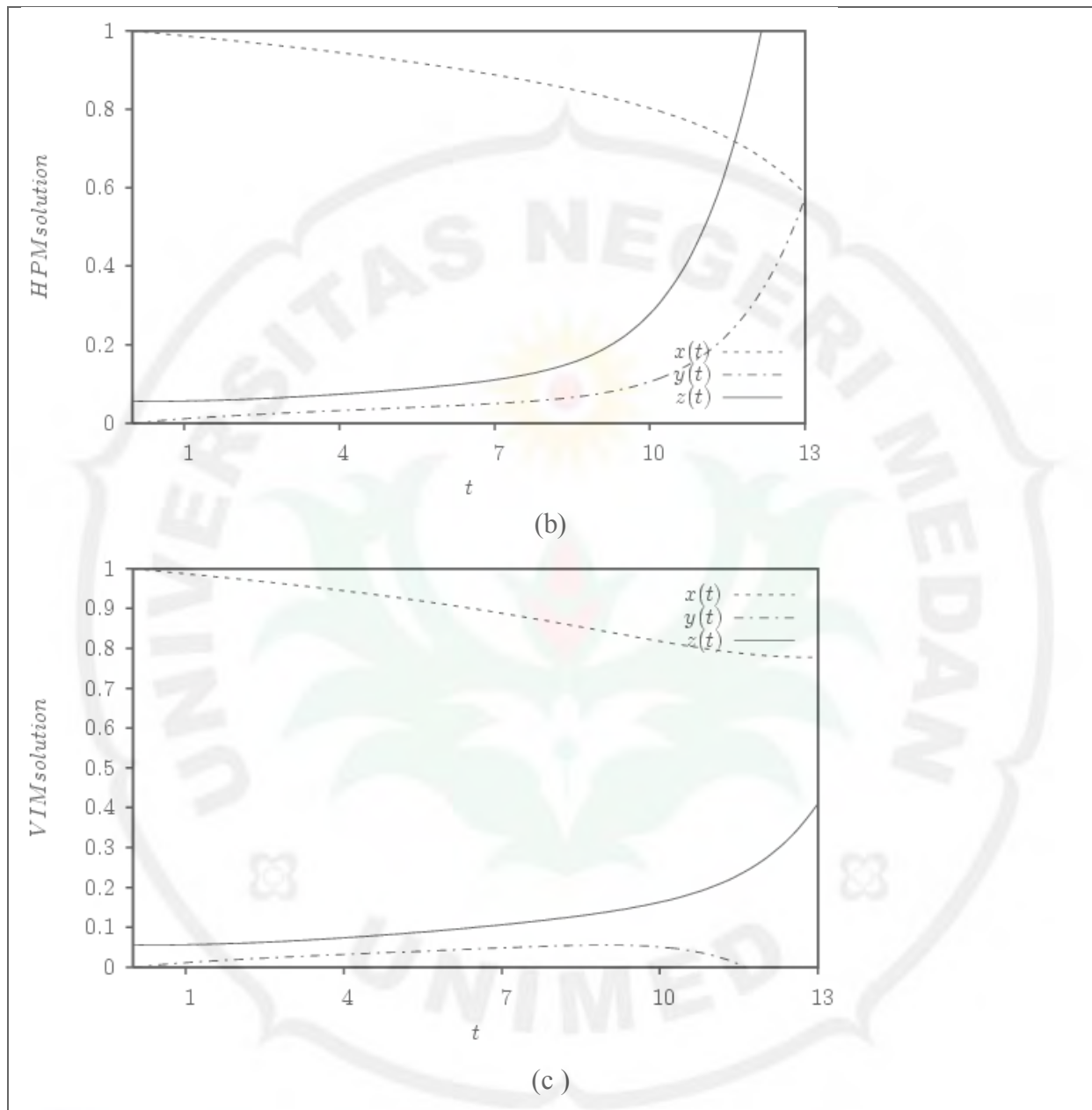


Figure 2. Approximate solution of susceptible population ($x(t)$), infected population ($y(t)$) and Vector population using: (a) RK4 for $\Delta t = 0.001$; (b) 10 terms of HPM, and (c) 10 iterate of VIM.

8. Acknowledgement

The financial support received from Indonesia, Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi (DIKTI) Grant 0019/ES.2/PL/2012 is gratefully acknowledged.

9. References

- [1] Side, S. and Noorani, MSM, A SIR Model for Spread of Dengue Fever Disease (Simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia), World Journal of Modelling and Simulation, 9 (2) pp. 96-105, 2013.
- [2] M. Derouich, A. Boutayeb. Dengue fever: mathematical modelling and computer simulation. Appl. Math. Comput., 177(2) pp. 528-544, 2006.

- [3] Esteva, L. and Vargas, C Analysis of dengue disease transmission model. *Math Biosciences*, 150 pp. 131–135, 1998.
- [4] Nuraini, N., Soewono, E., and Sidarto, K., Mathematical model of dengue disease transmission with severe dhf compartment. *Bulletin of the Malaysian Mathematical Sciences Society*, 2007, 30(2): 143–157.
- [5] Pongsumpun, P., Transmission model for dengue disease with and without the effect of extrinsic incubation period. *KMITL Sci. Tech.*, 6, pp. 74–82, 2006.
- [6] Soewono, E. and Supriatna, A.K. A two-dimensional model for the transmission of dengue fever disease. *Bull. Malaysian Matt. Sci. Soc.*, 24 pp. 49–57, 2005.
- [7] Yaacob, Y., Analysis of a dengue disease transmission model without immunity. *MATEMATIKA*, 23(2) pp.75–81, 2007.
- [8] KKRI. Dengue fever is still high in south sulawesi. *Tribun Timur Makassar*, 2009. Newspaper fact.
- [9] He, J.H., A coupling method of a homotopy technique and a perturbation technique for non-linear problems, *International Journal of Non-Linear Mechanics*, 35, pp. 37-43, 2000.
- [10] He, J., An elementary introduction to the homotopy perturbation method, *Comput. Math. Appl.*, 57(3) pp. 410–412, 2009
- [11] He, J.H., Variational iteration method for delay differential equations, *Commun. Nonlinear Sci. Numer. Simulat.*, 2, pp. 235–236, 1997.
- [12] Wu, G.C., and Baleanu, D., New applications of the variational iteration method-from differential equations to q -fractional difference equations, *Adv. Diff. Eqn.*, 2013:21, 2013
- [13] Khodadadi, E. and Çelik, E., The variational iteration method for fuzzy fractional differential equations with uncertainty, *Fixed Point Theory Appl.*, **2013**:13 2013.
- [14] Elbeze, A.A., Kiliçman, A. and Taib, B.M., Homotopy Perturbation Method for Fractional Black-Scholes European Option Pricing Equations Using Sumudu Transform, *Mathematical Problems Eng.*, Article ID 524852 2013.
- [15] Samaee, S.S., Yazdanpanah, O. and Ganji, D.D., Homotopy perturbation method and parameterized perturbation method for radius of curvature beam equation, *Int. J. Comput. Materials Sci. Eng.*, , 01 (04), 19 pages 2012.
- [16] Inokuti, M., Sekine, H., & Mura, T., General use of the Lagrange multiplier in nonlinear mathematical physics. In: S. Nemat. Nasser, Editor, *Variational Method in the Mechanics of Solids*. Pergamon Press, pp. 156-162, 1978.

The screenshot displays the ITB Journal website interface. At the top, the logo of Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS) is visible, along with the text "ITB Journal" and "The Official ITB Scientific Journal | Since 1961". Below this, there is a section titled "View Submitted Articles" which contains a table with the following data:

No	Title	Status
1.	Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever Disease in South Sulawesi using Homotopy Perturbation Method and Variational Iteration Method	Submitted

Below the table, there is an "Author Menu" section with several options: "Submit New Article", "View Submitted Articles", "View Message Box", "Change Profile", "Change Password", and "Logout".

At the bottom of the page, there is contact information for ITB Journal: "Jl. Tamansari 64, Bandung 40116, Indonesia", "Tel : +62-22-250 3602", "Fax : +62-22-250 32531 +62-22-250 1006", and "E-mail : proceedings@jppm.itb.ac.id".

Additional information at the bottom includes "Visitor Number #2648955", "Visitor IP Address #114.79.54.238", "© 2011 Institut Teknologi Bandung", "XHTML + CSS + RSS", and "Developed by AVE".

LAMPIRAN 4: Luaran berupa Presentasi di EASIAM-CIAM, Bandung 18-20 Juni 2013.
Sertifikat:



Lampiran 5. Luaran berupa status review dari reviewer dari ITB journal of Science

The image shows a screenshot of an article page from the ITB Journal. The page features a blue header with the ITB logo and the text "ITB Journal The Official ITB Scientific Journal | Since 1981". The main content area is white and contains the article's title, authors, and abstract. A large, semi-transparent watermark "UNIVERSITAS GENEARI MEDAN" is overlaid across the center of the page. At the bottom, there is a blue footer with contact information for ITB Journal and the text "THE Character Building UNIVERSITY".

ITB Journal
The Official ITB Scientific Journal | Since 1981

Article Summary

Title: [Title text]

Author(s): [Author names]

Abstract: [Abstract text]

Keywords: [Keywords]

Background: [Background text]

Methods: [Methods text]

Results: [Results text]

Conclusion: [Conclusion text]

References: [List of references]

Publication Details:

- Publication Month: [Month]
- Volume: [Volume]
- Issue: [Issue]
- Page: [Page]

Footer:

ITB Journal
Jl. Sekeloa Selatan 1, Gedung A, Bandung 40132, Indonesia
Telp: +62 22 253 4311
Fax: +62 22 253 4312
Email: journal@itb.ac.id

Volume: [Volume]
Issue: [Issue]
Page: [Page]

UNIVERSITAS GENEARI MEDAN

THE Character Building UNIVERSITY

LAMPIRAN 6: Luaran berupa bukti pengiriman artikel ke Journal of Applied Mathematics
in fact factor=0.8

Compose Delete Move Spam More Collapse message cards

761564: Acknowledging Receipt

Journal of Applied Mathematics Today at 10:42 PM

To Me, nabila.ismail@hindawi.com, udhinmath_unm@yahoo.com

Dear Dr. Rangkuti,

The Research Article titled "Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever in South Sulawesi Using Multistage Adomian Decomposition Method," by Yulita Mollig Rangkuti and Syafruddin Side has been received and assigned the number 761564.

All authors will receive a copy of all the correspondences regarding this manuscript.

Thank you for submitting your work to Journal of Applied Mathematics.

Best regards,

Nabila Ismail
Editorial Office
Hindawi Publishing Corporation
<http://www.hindawi.com>

Reply, Reply All or Forward | More

Hindawi Publishing Corporation
Hindawi

Yulita Mollig Rangkuti Update My Account Logout

Submit a Manuscript Author Activities

Author Activities

MS Number	Title & Authors	Additional Files	Status
 761564.v1 (Research Article)	Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever in South Sulawesi Using Multistage Adomian Decomposition Method Yulita Mollig Rangkuti, and Syafruddin Side	Cover Letter	Under Review



Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever in South Sulawesi Using Multistage Adomian Decomposition Method

R. Yulita Molliq^{1,*} and S. Side²

¹ Department of mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Universitas Negeri Medan, UNIMED 20221, Medan, Sumatera Utara, Indonesia

² Department of mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Universitas Negeri Makasar, UNM 90245, Makasar, Sulawesi Selatan, Indonesia

* yulitamolliq@yahoo.com

Abstract

In paper, the susceptible--infected--recovered (SIR) model of dengue fever disease in South Sulawesi is considered. We implement relatively new analytical techniques, homotopy perturbation method (HPM) and Multistage Adomian decomposition method (MADM) for solving the SIR model. The He's polynomial approach and Adomian polynomial are applied for HPM and MADM, respectively. Here, fourth order Runge Kutta (RK4) as benchmark for SIR model of dengue fever disease solution. In these schemes, the solution takes the form of a convergent series with easily computable components. From the result, MADM is the good technique that can overcome the weaknees of the HPM when it compares to HPM for long time interval $t \in [0,64]$. The MADM perform extremely well in terms of efficiency and simplicity for this model.

Keywords: *homotopy perturbation method; SIR model; He's polynomial; Adomian polynomial; Multistage Adomian decomposition method*

1 Introduction

Dengue fever is regarded as a serious infectious disease threatening about 2.5 billion people all over the world, especially in tropical countries. Dengue fever has become a major epidemic disease in Southeast Asia. Such an epidemic arises from climate change and is made worse by the population's lack of knowledge about and awareness of dengue fever, so that dengue fever may become endemic [1]. Thus, solving the problem by building mathematical model of the dengue fever is important.

The mathematical models of dengue fever have investigated the dynamics equation using Susceptible, Infected, and Removed (SIR) models [2, 3, 4, 5, 6, 7]. Side and Noorani [1] have built the SIR models of dengue fever in South Sulawesi and collected real data reported by the Ministry of Health in South Sulawesi, Indonesia (KKRI) [8]. The model shows the real phenomena of dengue fever epidemic, specially in south Sulawesi. Finding the spreading number of population of this model [1] is interest to investigate. The precise method must be chosen to solve this model. Recently, some semi-analytical methods are applied to obtain a good solution in numerically and these methods have succeed to solve various nonlinear equations, such as Homotopy perturbation method (HPM) [9, 10], variational iteration method (VIM) [11, 12, 9], Adomian decomposition method (ADM)[13], Homotopy analysis method (HAM) [13, 14], Multistage Adomian Decomposition method (MADM) [15, 16], Multistage Homotopy perturbation method (MHPM) [17], and so on.

HPM which was first proposed by He [23] is the new approach for finding the

approximate analytical solution of linear and nonlinear problems. The HPM uses the He's polynomial as its approach. The HPM was successfully applied to solve nonlinear wave equation by He [23]. The convergence of Homotopy perturbation series to the exact solution is considered in [20]. Applying the HPM on SIR model of dengue fever has been investigated in [21]. From the paper, the approximate solution of SIR model of dengue fever in South Sulawesi converged to fourth order Runge--Kutta (RK4) only in $t \in [0,7]$ by using 10 term HPM. To obtain more accurate solution in longer time interval, need more calculation in HPM. It shows the weakness of the HPM. To overcome its weakness, we choose another a power method, that is, MADM which was formulated by Noorani et al. [19]. The MADM is run using Adomian polynomial in multistage technique and the convergence of the MADM was shown by Noorani et al. [19]. Researchers have shown further applications of MADM such as Razali et al. [16] successfully solved chaotic lü system using MADM to obtain the good approximate solutions. Evirgen and Özdemir [15] obtained the approximate solutions of NLP problems over a nonlinear fractional dynamical system using MADM.

In this paper, the Susceptible Infected Recovery (SIR) of Dengue Fever in South Sulawesi which was modeled by Side and Noorani [1] defined as follow

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= \mu_h(1-x(t)) - \alpha x(t)z(t), \\ \frac{dy}{dt} &= \alpha x(t)z(t) - \beta y(t), \\ \frac{dz}{dt} &= \gamma(1-z(t))y(t) - \delta_1 z(t),\end{aligned}$$

where $x = \frac{S_h}{N_h}, y = \frac{I_h}{N_h}, z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A\mu_v}, \alpha = \frac{(b\beta_h A)}{(\mu_v N_h)}, \beta = \gamma_h + \mu_h$ and $\gamma = b\beta_v, \delta = \mu_v$.

According to Side and Noorani [1], N_h is the human population, S_h is people who may potentially get infected with dengue virus, I_h is people who are infected with dengue. R_h is people who have recovered, The vector population of mosquitoes (N_v) is divided into two groups: mosquitoes that may potentially become infected with dengue virus (susceptible; S_v) and mosquitoes that are infected with dengue virus (I_v). $b\beta_h$ is sufficient rate of correlation of vector population to human population.

This paper is organized as follows: Section 2 discusses the main idea on HPM and some recent advances on the technique, Section 3 deals with the concepts of MADM, Section 4 outlines the application of HPM to the SIR model of dengue fever, Section 5 outlines the application of HPM to the SIR model of dengue fever, Section 6 presents the results obtained by the methods aforementioned with some critical discussions and, lastly, Section 7 offers some concluding remarks on the method used.

2 Homotopy Perturbation Method (HPM)

The basic idea HPM, firstly, we write the general system of differential equation in the operator form:

$$Du_i(t) = L_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + N_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + g_i(t),$$

where L_i are linear operators, N_i are nonlinear operators and g_i are known analytic functions. In view of the homotopy-perturbation technique, we construct the homotopy:

$$Du_i(t) = p[L_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + N_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + g_i(t)], \quad 1 \leq i \leq n,$$

where p is an embedding parameter which changes from zero to unity. If $p = 0$, Eq. (1)

becomes the linear equation

$$Du_i = 0, \quad i = 1, 2, \dots, n,$$

and when $p = 1$, the homotopy in (1) turns out to be the original system of SIR model. Using the parameter p , we expand the solution of the system in the form:

$$u_i(t) = u_{i,0} + pu_{i,1} + p^2u_{i,2} + p^3u_{i,3} + \dots$$

Substituting (4) into (2), and collect the terms with the same powers of p , yields the following linear equations:

$$p^0 : Du_{i,0} = 0,$$

$$p^1 : Du_{i,1} = L_i(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}) + \omega_{i,1}(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}) + g_i(t),$$

\vdots

$$p^m : Du_{i,m} = L_i(t, u_{1,m-1}, u_{2,m-1}, \dots, u_{n,m-1}) + \omega_{i,m}(t, u_{1,m-1}, u_{2,m-1}, \dots, u_{n,m-1}),$$

where the functions $\omega_{i,1}, \omega_{i,2}, \dots$, satisfy

$$\begin{aligned} &\omega_i(t, u_{1,0} + pu_{1,1} + p^2u_{1,2} + \dots, \dots, u_{n,0} + pu_{n,1} + p^2u_{n,2} + \dots) \\ &= \omega_{i,1}(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}) + p\omega_{i,2}(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}, u_{1,1}, u_{2,1}, \dots, u_{n,1}) \\ &+ p^2\omega_{i,3}(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}, u_{1,1}, u_{2,1}, \dots, u_{n,1}, u_{1,2}, u_{2,2}, \dots, u_{n,2}) + \dots \end{aligned}$$

The linear equations can be easily solved by applying the operator J , the inverse of the operator D as integral. Hence, the components u_{ik} , ($k = 0, 1, 2, \dots$), of the HPM solution can be determined. The first few terms of the HPM series are given by

$$u_{i,0} = u_i(0)$$

$$u_{i,1} = J[L_i(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0})] + J[\omega_{i,1}(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}) + g_i(t)],$$

\vdots

$$u_{i,m} = J[L_i(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}, \dots, u_{1,m-1}, u_{2,m-1}, \dots, u_{n,m-1})]$$

$$+ J[\omega_{i,m}(t, u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{n,0}, \dots, u_{1,m-1}, u_{2,m-1}, \dots, u_{n,m-1})],$$

For further application of HPM on SIR model of dengue fever is showing in section 4.

3 Multistage Adomian Decomposition Method

To apply MADM, firstly, we consider a general systems of first--order ODEs as follow

$$u_i' = \sum_{j=1}^n a_{ij} u_j + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} u_p u_q,$$

subject to the initial conditions

$$u_i(t_0) = c_i \quad \forall i = 1, 2, \dots, n,$$

where the prime denotes differentiation with respect to time t . If we denote the linear term (the first term on the r.h.s.) as R and the nonlinear term (the second term) as N , then we can write the above system of equation in the operator form

$$Lu_i = Ru_i + Nu_i, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n,$$

where L is the differential operator $d(\cdot)/dt$. We are now in the standard setting originally proposed by Adomian, [22], and the usual procedure applies. In particular applying the inverse (integral) operator L^{-1} to Eq.(13) we obtain

$$u_i(t) = u_i(t=0) + L^{-1}Ru_i + L^{-1}Nu_i.$$

By assuming the general system in Eq. (11) is an initial-value problem, it's solution is

uniquely determined via the information $u_i(t=0), (i=1,2,\dots,n)$. According to the ADM [22], the solution $u_i(t)$ is given by the series

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) \quad \forall i=1,2,\dots,n.$$

System (11) can rewrite in Adomian scheme as follows form

$$Ru_i(t) = \sum_{i=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} u_{ir}(t)$$

so that $L^{-1}Ru_i$ is given by

$$L^{-1}Ru_i(t) = \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{ir}(s) ds.$$

Whereas, the nonlinear term Nu_i is decomposed as,

$$Nu_i(t) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(t).$$

where a_{ij} is scalar and $A_{ir,p,q}$ is the Adomian polynomial. In this case, it is given by the formula, [22] given by

$$A_{ir,p,q} = \frac{1}{r!} \frac{d^r}{d\lambda^r} \left[M \left(\sum_{k=0}^{\infty} \lambda^k u_{kp}, \sum_{k=0}^{\infty} \lambda^k u_{kq} \right) \right]_{\lambda=0}.$$

where $M(x,y) = xy$ for each $m = 0,1,2,\dots$. Moreover $L^{-1}Nu_i$ is given by

$$L^{-1}Nu_i(t) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \sum_{r=0}^{\infty} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds.$$

Substituting (19)-(20) into (14) yields

$$\begin{aligned} \sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) &= u_i(t=0) + \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{ir}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(s) ds, \end{aligned}$$

Consequently, we have for each $i=1,2,\dots,n$,

$$\begin{aligned} u_{i0} &= u_i(t=0), \\ u_{i1} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{i0}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i0,p,q}(s) ds, \\ u_{i2} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{i1}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i1,p,q}(s) ds, \\ &\vdots \\ u_{i(r+1)} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{ir}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds, \end{aligned}$$

Upon calculating the Adomian polynomials (19) and integrating, one then has for all $t \geq 0$,

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} d_{ir} \frac{(t)^r}{r!}, \quad \forall i=1,2,\dots,n,$$

where the coefficients d_{ir} are given by:

$$\begin{aligned} d_{i0} &= u_i(t=0), \\ d_{ir} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} d_{j(r-1)} \\ &+ (r-1)! \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n \sum_{k=0}^{r-1} a_{ipq} \frac{d_{qk}}{k!} \frac{d_{p(r-k-1)}}{k!(r-k-1)!}, r \geq 1. \end{aligned}$$

The ADM is treated as an algorithm for approximating the dynamical response in a sequence of time intervals (i.e. , time step) $[0, t_1), [t_1, t_2), \dots, [t_{r-1}, T)$ such that the initial condition in $[t^*, t_{r+1})$ is taken to be the condition at t^* . This technique so-called multistage Adomian decomposition method (MADM), which was introduced by Noorani et al. [19]. The formula can write as

$$\begin{aligned} \sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) &= u_i(t^*) + \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_{t^*}^t u_{jr}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(s) ds. \end{aligned}$$

Consequently, we have for each $i=1,2,\dots,n$,

$$\begin{aligned} u_{i0} &= u_i(t^*), \\ u_{i1} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_{t^*}^t u_{j0}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t A_{i0,p,q}(s) ds, \\ u_{i2} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_{t^*}^t u_{j1}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t A_{i1,p,q}(s) ds, \\ &\vdots \\ u_{i(r+1)} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_{t^*}^t u_{jr}(s) ds \\ &+ \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_{t^*}^t A_{ir,p,q}(s) ds, \end{aligned}$$

Upon calculating the Adomian polynomials (19) and integrating, one then has for all $t \geq 0$,

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} d_{ir} \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \quad \forall i=1,2,\dots,n,$$

where the coefficients d_{ir} are given by:

$$\begin{aligned} d_{i0} &= u_i(t=0), \\ d_{ir} &= \sum_{j=1}^n a_{ij} d_{j(r-1)} \end{aligned}$$

$$+ (r-1)! \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n \sum_{k=0}^{r-1} a_{ipq} \frac{d_{qk}}{k!} \frac{d_{p(r-k-1)}}{k!(r-k-1)!}, r \geq 1.$$

For practical computations, a finite number of terms in the series (34) are used in a time step procedure just outlined.

4 Implementing of HPM

To implement HPM, we write the SIR model of dengue fever in the following form:

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= \mu_h(1-x(t)) - \alpha x(t)z(t), \\ \frac{dy}{dt} &= \alpha x(t)z(t) - \beta y(t), \\ \frac{dz}{dt} &= \gamma(1-z(t))y(t) - \delta_1 z(t), \end{aligned}$$

subject to the initial conditions

$$x(t_0) = c_1, \quad y(t_0) = c_2, \quad z(t_0) = c_3.$$

Then we write system (37)-(38) in the operator form: According to HPM, we construct a homotopy for (37)-(38) which satisfies the following relations:

$$\begin{aligned} v_1' - x_0' + p(x_0' - \mu_h(1-v_1) + \alpha v_1 v_3) &= 0 \\ v_2' - y_0' + p(y_0' - \alpha v_1 v_3 + \beta v_2) &= 0, \\ v_3' - z_0' + p(z_0' - \gamma(1-v_3)v_2 + \delta_1 v_3) &= 0. \end{aligned}$$

Let us choose the initial approximations as

$$\begin{aligned} v_{1,0}(t) &= x_0(t) = v_1(0) = c_1, \\ v_{2,0}(t) &= y_0(t) = v_2(0) = c_2, \\ v_{3,0}(t) &= z_0(t) = v_3(0) = c_3, \end{aligned}$$

and

$$\begin{aligned} v_1(t) &= v_{1,0}(t) + p v_{1,1}(t) + p^2 v_{1,2}(t) + p^3 v_{1,3}(t) + \dots, \\ v_2(t) &= v_{2,0}(t) + p v_{2,1}(t) + p^2 v_{2,2}(t) + p^3 v_{2,3}(t) + \dots, \\ v_3(t) &= v_{3,0}(t) + p v_{3,1}(t) + p^2 v_{3,2}(t) + p^3 v_{3,3}(t) + \dots, \end{aligned}$$

where $v_{i,j}, (i=1,2; j=1,2,3,\dots)$ are functions yet to be determined. Substituting (44)-(48) into (41)-(42) and collecting terms of the same powers of p , we have

$$\begin{aligned} v_{1,1} + \alpha v_{1,0} v_{3,0} + \mu_h v_{1,0} - \mu_h &= 0, \quad v_{1,1}(0) = 0, \\ v_{2,1}' - \alpha v_{1,0} v_{3,0} + \beta v_{2,0} &= 0, \quad v_{2,1}(0) = 0, \\ v_{3,1}' - \mathcal{N}_{2,0} + \delta_1 v_{3,0} + \mathcal{N}_{2,0} v_{3,0} &= 0, \quad v_{3,1}(0) = 0, \\ v_{1,2}' + \mu_h v_{1,1} + \alpha v_{1,1} v_{3,0} + \alpha v_{1,0} v_{3,1} &= 0, \quad v_{1,2}(0) = 0, \\ v_{2,2}' + \beta v_{2,1} - \alpha v_{1,1} v_{3,0} - \alpha v_{1,0} v_{3,1} &= 0, \quad v_{2,2}(0) = 0, \\ v_{3,2}' - \mathcal{N}_{2,1} + \mathcal{N}_{2,1} v_{3,0} + \delta_1 v_{3,1} + \mathcal{N}_{2,0} v_{3,1} &= 0, \quad v_{3,2}(0) = 0, \\ v_{1,3}' + \alpha v_{1,0} v_{3,2} + \alpha v_{1,1} v_{3,1} + \alpha v_{1,2} v_{3,0} + \mu_h v_{1,2} &= 0, \quad v_{1,3}(0) = 0, \\ v_{2,3}' + \beta v_{2,2} - \alpha v_{1,2} v_{3,0} - \alpha v_{1,1} v_{3,1} - \alpha v_{1,0} v_{3,2} &= 0, \quad v_{2,3}(0) = 0, \\ v_{3,3}' - \beta v_{2,2} + \alpha v_{2,2} v_{3,0} + \mathcal{N}_{2,1} v_{3,1} + \mu_1 v_{3,2} + \mathcal{N}_{2,0} v_{3,2} &= 0, \quad v_{3,3}(0) = 0, \end{aligned}$$

Solving the differential equations (50)-(57) we get,

$$\begin{aligned}
v_{1,1} &= \int_0^t [-\alpha v_{1,0} v_{3,0} - \mu_h v_{1,0} + \mu_h] ds, \\
v_{2,1} &= \int_0^t [\alpha v_{1,0} v_{3,0} - \beta v_{2,0}] ds, \\
v_{3,1} &= \int_0^t [\gamma v_{2,0} - \delta_1 v_{3,0} - \gamma v_{2,0} v_{3,0}] ds, \\
v_{1,2} &= \int_0^t [-\mu_h v_{1,1} - \alpha v_{1,1} v_{3,0} - \alpha v_{1,0} v_{3,1}] ds, \\
v_{2,2} &= \int_0^t [-\beta v_{2,1} + \alpha v_{1,1} v_{3,0} + \alpha v_{1,0} v_{3,1}] ds, \\
v_{3,2} &= \int_0^t [\gamma v_{2,1} - \gamma v_{2,1} v_{3,0} - \delta_1 v_{3,1} - \gamma v_{2,0} v_{3,1}] ds, \\
v_{1,3} &= \int_0^t [\alpha v_{1,0} v_{3,2} - \alpha v_{1,1} v_{3,1} - \alpha v_{1,2} v_{3,0} - \mu_h v_{1,2}] ds, \\
v_{2,3} &= \int_0^t [-\alpha v_{2,2} + \alpha v_{1,2} v_{3,0} + \alpha v_{1,1} + \alpha v_{1,0} v_{3,2}] ds, \\
v_{3,3} &= \int_0^t [\gamma v_{2,2} - \gamma v_{2,2} v_{3,0} - \gamma v_{2,1} v_{3,1} - \delta_1 v_{3,2} - \gamma v_{2,0} v_{3,2}] ds,
\end{aligned}$$

Taking the actual physiological data from Health Ministry of Indonesia[8], $c_1 = 7675406/7675893$, $c_2 = 487/7675893$, $c_3 = 0.056$ as well as $\alpha = 0.232198$, $\beta = 0.328879$, $\gamma = 0.375$, and $\delta_1 = 0.0323$ yields

$$\begin{aligned}
v_{1,1} &= 0.999937 - 0.0130023t, \\
v_{2,1} &= 0.0000634454 + 0.0129814t, \\
v_{3,1} &= 0.56 - 0.00178634t, \\
v_{1,2} &= 0.999937 - 0.0130023t + 0.000292213t^2, \\
v_{2,2} &= 0.0000634454 + 0.0129814t - 0.00242657t^2, \\
v_{3,3} &= 0.56 - 0.00178634t + 0.00232658t^2,
\end{aligned}$$

The 3-term HPM solutions,

$$\begin{aligned}
x(t) &= \sum_{j=0}^2 v_{1,j}, \\
&= 0.999937 - 0.0130023t + 0.000292213t^2, \\
y(t) &= \sum_{j=0}^2 v_{2,j} \\
&= 0.0000634454 + 0.0129814t - 0.00242657t^2, \\
z(t) &= \sum_{j=0}^2 v_{3,j}, \\
&= 0.056 - 0.00178634t + 0.00232658t^2.
\end{aligned}$$

In this paper, we calculated the HPM until tenth term to obtain the reliable solution. It can be calculated for more terms to reach the exact solution.

5 Implementation of MADM

To demonstrate the effectiveness of the MADM algorithm discussed above, we use the formula in Eq. (34) on SIR model of dengue fever in Eq. (37)-(38), we write

$$\begin{aligned}
x_0 &= x(t^*), y_0 = y(t^*), z_0 = z(t^*), \\
x_1 &= \int_{t^*}^t \mu_h (1 - x_0(s)) ds - \alpha \int_{t^*}^t A_{1,0}(s) ds, \\
y_1 &= \alpha \int_{t^*}^t A_{1,0}(s) ds - \beta \int_{t^*}^t y_0(s) ds,
\end{aligned}$$

$$z_1 = \gamma \int_{t^*}^t y_0(s) ds - \gamma \int_{t^*}^t A_{2,0}(s) ds - \delta_1 \int_{t^*}^t z_0(s) ds,$$

where $A_{i,j}, i=1,2,\dots,6; j=1,2,\dots$ is Adomian polynomial in Eq. (??), i.e. $A_{1,j} = xy, A_{2,j} = zy$. Hence from (77)–(78), the explicit solution to SIR model of dengue fever are

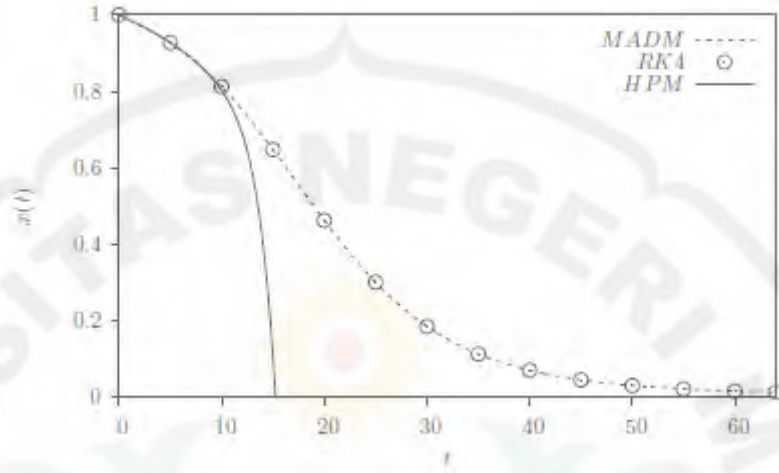
$$\begin{aligned} x &= \sum_{r=0}^{\infty} a_r \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \\ y &= \sum_{r=0}^{\infty} b_r \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \\ z &= \sum_{r=0}^{\infty} c_r \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \end{aligned}$$

where the coefficients are given by the recurrence relations,

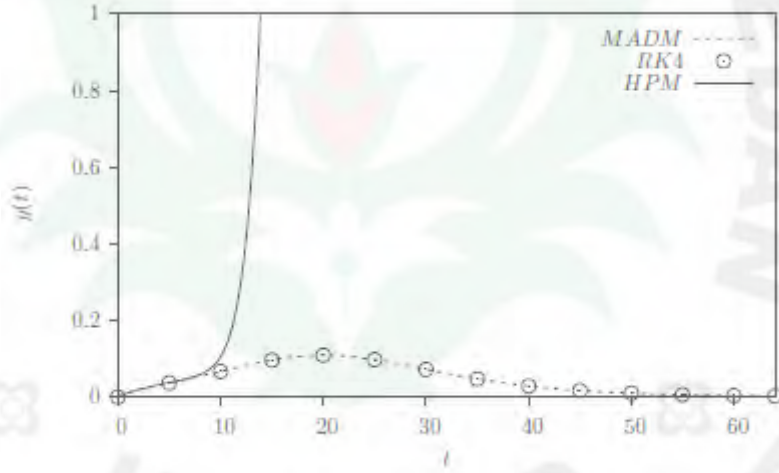
$$\begin{aligned} a_0 &= x(t^*), b_0 = y(t^*), c_0 = z(t^*), \\ a_r &= \mu_h - \mu_h a_{r-1} \\ &\quad - \alpha(r-1)! \sum_{k=0}^{r-1} \frac{a_k b_{r-k-1}}{k!(r-k-1)!}, \\ b_r &= \alpha(r-1)! \sum_{k=0}^{r-1} \frac{a_k b_{r-k-1}}{k!(r-k-1)!} - \beta b_{r-1}, \\ c_r &= \gamma c_{r-1} - \gamma(r-1)! \sum_{k=0}^{r-1} \frac{b_k c_{r-k-1}}{k!(r-k-1)!} - \delta_1 c_{r-1}, \end{aligned}$$

6 Result and Discussion

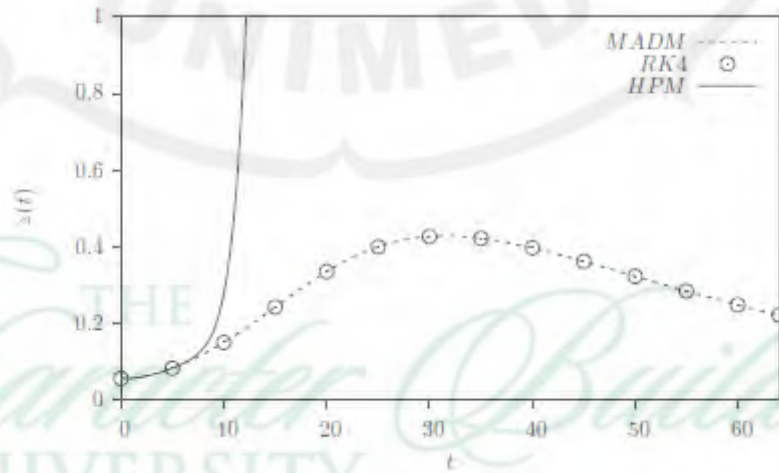
The accuracy of MADM for solving SIR model of dengue fever was presented in this paper. For a direct comparison with Side and Noorani et al. [1], the infected rate of host to recover was $(\mu_h) = 0.3288330$, the effective contact rate, human to vector had $(\beta_v) = 0.3750000$, the effective contact rate, vector to human was $(\beta_h) = 0.7500000$, the human life span was $(\mu_h) = 0.0000460$, the vector life span was $(\mu_v) = 0.0323000$. We started the term by $x(0) = 7675406/7675893$, $y(0) = 487/7675893$ and $z(0) = 0.056$ which was taken from [1]. The iterative system of SIR model was coded in the Maple package by restricting the number of significant Digits in its environment to 16. We used 5-term of MADM and RK4 at $\Delta t = 0.001$ and 10-term of HPM [21]. We then display the comparisons between results from HPM, MADM and RK4 in table 1 for interval $t \in [0,12]$. From the table, HPM solution diverged in $t \geq 7$ while MADM solution converged in $t \in [0,12]$ by using only 5-term of MADM. It means that MADM is more accurate than HPM. Figure 1 shows the number of spreading of dengue fever in interval $t \in [0,64]$. From our viewpoint, MADM solution of number of the susceptible (x), the infected (y) and Recovery (z), respectively closed to RK4 solution. It is obvious that HPM exhibits an erratic behavior because their graphs divert from the exact path shown by RK4 whereas MADM solution converged to RK4 solution for long time interval. The MADM and RK4 solutions showed a good synchronization at the performed time and the MADM results agree very well with RK4. Therefore, MADM overcomes the weakness of HPM and it can be alternative method for solving either this kind of model or complex model.



(a)



(b)



(c)

Figure 1: The number of spreading of dengue fever for; (a) $x(t)$, (b) $y(t)$, (c) $z(t)$ which are obtained using HPM, MADM and RK4

Table 1: The absolute error of HPM and MADM solutions comparing to RK4 with

h= 0.001

t	HPM			MADM		
	Δx	Δy	Δz	Δx	Δy	Δz
1	9.358 E-10	6.462 E-10	2.329 E-08	2.364 E-06	1.343 E-08	1.524 E-09
2	3.205 E-08	2.465 E-08	3.466 E-07	4.694 E-06	5.168 E-08	1.208 E-08
3	1.846 E-07	6.190 E-08	7.005 E-07	6.982 E-06	1.150 E-07	3.960 E-08
4	1.154 E-07	3.908 E-06	1.336 E-05	9.216 E-06	2.072 E-07	9.213 E-08
5	7.576 E-06	4.063 E-05	1.532 E-04	1.138 E-05	3.344 E-07	1.786 E-07
6	5.805 E-05	2.535 E-04	9.432 E-04	1.345 E-05	5.031 E-07	3.091 E-07
7	2.872 E-04	1.166 E-03	4.219 E-03	1.541 E-05	7.201 E-07	4.944 E-07
8	1.106 E-03	4.330 E-03	1.523 E-02	1.724 E-05	9.919 E-07	7.457 E-07
9	3.582 E-03	0.0137	0.0469	1.891 E-05	1.323 E-06	1.074 E-06
10	0.01016	0.03827	0.1277	2.039 E-05	1.718 E-06	1.490 E-06
11	0.02598	0.09664	0.3149	2.167 E-05	2.175 E-06	2.000 E-06
12	0.06099	0.2246	0.716	2.273 E-05	2.693 E-06	2.610 E-06

Acknowledgement

The financial support received from Indonesia, Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi (DIKTI) Grant 0019/ES.2/PL/2012 is gratefully acknowledged

References

- [1] S. Side and M.S.M. Noorani, "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, pp. 96--105, 2013.
- [2] L. Esteva and C. Vargas, "Analysis of dengue disease transmission model", *Mathematical Biosciences*, vol. 150, pp. 131--135, 1998.
- [3] E. Soewono and A.K. Supriatna, "A two--dimensional model for the transmission of dengue fever disease". *Bulletin of Malaysian Mathematics Science Society*, vol.24, pp. 49--57, 2005.
- [4] P. Pongsumpun, "Transmission model for dengue disease with and without the

effect of extrinsic incubation period", *KMITL Science Technology Journal*, vol. 6, pp. 74--82, 2006.

[5] M. Derouich and A. Boutayeb. "Dengue fever: mathematical modelling and computer simulation", *Applied Mathematics and Computers*, vol. 177, no. 2, pp. 528--544, 2006.

[6] Y. Yaacob, "Analysis of a dengue disease transmission model without immunity", *MATEMATIKA*, vol. 23, no. 2, pp. 75--81, 2007.

[7] N. Nuraini, E. Soewono, and K. Sidarto, "Mathematical model of dengue disease transmission with severe dhf compartment", *Bulletin of the Malaysian Mathematical Sciences Society*, vol. 30, no. 2, pp. 143--157, 2007.

[8] KKRI. "Dengue fever is still high in south sulawesi". *Tribun Timur Makassar*, Newspaper fact 2009.

[9] R. Yulita Molliq and M. S. M. Noorani, "Solving the Fractional Rosenau--Hyman Equation via Variational Iteration Method and Homotopy Perturbation Method", *Intentional Journal of Differential Equations*, vol. 2012, Article ID 472030, 2012.

[10] H. Saberi Najafi and S.A. Edalatpanah, "Homotopy perturbation method for linear programming problems", *Applied Mathematics and Modelling*, <http://dx.doi.org/10.1016/j.apm.2013.09.011>, 2013.

[11] Yulita Molliq R, M.S.M. Noorani and I. Hashim, "Variational iteration method for fractional heat--and wave--like equations", *Nonlinear Analysis: Real World Applications*, vol. 10, pp. 1854--1869, 2009.

[12] R. Yulita Molliq, M.S.M. Noorani, I. Hashim and R.R. Ahmad, "Approximate solutions of fractional Zakharov--Kuznetsov equations by VIM", *Journal of Computation and Applied Mathematics*, vol. 233, pp. 103--108, 2009.

[13] M. G. Sakar and F. Erdogan, "The homotopy analysis method for solving the time-fractional Fornberg--Whitham equation and comparison with Adomian's decomposition method", *Applied Mathematics and Modelling*, vol. 37, pp. 8876--8885, 2013.

[14] N. A. Khan, F. Riaz and N. A. Khan, "On solutions of nonlinear time-space fractional Swift--Hohenberg equation: A comparative study", *Ain Shams Engineering Journal*, <http://dx.doi.org/10.1016/j.asej.2013.09.001>, 2013.

[15] Evirgen, F. and Özdemir, N., "Multistage Adomian decomposition method for solving NLP problems over a nonlinear fractional dynamical system", *Journal of Computation Nonlinear Dynamics*, vol. 6, no. 2, Article number 021003, 2011.

[16] N.I. Razali, M.S.H. Chowdhury, W. Asrar, "The multistage adomian decomposition method for solving chaotic lü system", *Middle East Journal of Scientific Research*, vol. 13, pp. 43--49, 2013.

[17] C. H. Lee, K. D. Park and B. Jang, "Multistage homotopy perturbation method for nonlinear reaction networks", *Journal of Mathematical Chemistry*, vol. 15, no. 7, pp. 1945--1960, 2013.

[18] J.H. He, "A coupling method of a homotopy technique and a perturbation technique for non-linear problems", *International Journal of Non-Linear Mechanics*, vol. 35, pp. 37--43, 2000.

[19] M.S.M. Noorani, I. Hashim, R. Ahmad, S.A. Bakar, E.S. Ismail and A.M. Zakaria, "Comparing numerical methods for the solutions of the Chen system", *Chaos Solitons Fractals*, vol. 32, pp. 1296--1304, 2007.

[20] J.H. He, "*Non-perturbative methods for strongly nonlinear problems*" [Dissertation], de-Verlag im Internet GmbH, Berlin, Germany, 2006.

[21] R. Yulita Molliq, S. Side and M.S.M. Noorani, "Numerical Analytic Solution of SIR Model of Dengue Fever Disease in South Sulawesi using Homotopy Perturbation Method and Variational Iteration Method". (Submitted)

[22] G. Adomian, "*Nonlinear Stochastic Systems Theory and Applications to Physics*", Kluwer Dordrecht, USA, 1989.

[23] J.H. He, 2000. "A coupling method of a homotopy technique and a perturbation technique for non-linear problems", *International Journal of Non-Linear Mechanics* 35, pp. 37--43, 2000.

A SIR Model for Spread of Dengue Fever Disease (Simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia)*

Syafruddin Side^{1†}, Salmi Md Noorani²

¹ Department of Mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Science, Universitas Negeri Makassar, Parang Tambung 90244, Indonesia

² School of Mathematical Sciences, Faculty of Science and Technology, Universiti Kebangsaan Malaysia, Bangi 43600, Malaysia

(Received April 9 2012, Revised July 25 2012, Accepted April 14 2013)

Abstract. In this paper, we study a system of differential equations that models the population dynamics of Susceptible, Infected, and Removed (SIR) vector transmission of dengue fever. The model studied re-breeding value based on the number of reported cases of dengue fever in South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia. Using the SIR model and based on the rate of infection of humans, the spread of the dengue virus in both countries reached maximum levels in only a very short time. Theoretical and empirical calculations using the model were found to be suitable, and application of the SIR model showed similarities between the countries. However, the SIR model simulation indicated that dengue fever has not become endemic in either country.

Keywords: dengue fever, endemic, SIR model, stability, threshold parameter

1 Introduction

Dengue fever is regarded as a serious infectious disease threatening about 2.5 billion people all over the world, especially in tropical countries. In 2009 the World Health Organization (WHO)^[21] estimated 50 to 100 million reported cases worldwide. Around 500,000 people are estimated to be infected by hemorrhagic dengue fever each year. Dengue fever has become a major epidemic disease in Southeast Asia. Such an epidemic arises from climate change and is made worse by the population's lack of knowledge about and awareness of dengue fever, so that dengue fever may become endemic.

Mathematical models for dengue fever have investigated compartment dynamics using Susceptible, Infected, and Removed (SIR) models^[3, 6, 14, 15, 17, 22]; these models have only scrutinized the formulation of the model. Our paper has modified the models in [14] and [22] and applied the collected real data reported by the Ministry of Health in South Sulawesi, Indonesia (KKRI)^[10] and by the Ministry of Health (KKMa) in Selangor, Malaysia^[8]. The purpose of this study was to match the empirical data with the model simulation. Hence, the SIR model presented in this paper is intended to be a trusted reference and as a control tool in dealing with dengue fever in both countries. The first part of this paper formulates a SIR model for transmission of dengue fever, the second part analyzes the model, and the last section simulates the model for both countries. The simulation is compared to a theoretical calculation generation by ODESOLVE.

* The authors would like to thank Skim Zamalah Pasca Siswazah (UKM-OUP-ICT-34-174/2010) for financial support. The authors also thank Alena Lee Sanusi for helpful editorial comments on the manuscript.

[†] Corresponding author. *E-mail address:* udhinmath_unm@yahoo.com

1.1 Dengue fever

Dengue fever is caused by four closely related virus serotypes: dengue virus 1 (DEN1), dengue virus 2 (DEN2), dengue virus 3 (DEN3) and dengue virus 4 (DEN4); two of the serotypes are hemorrhagic and often fatal while the other two are not and often not fatal. The disease is spread by the bite of *Aedes aegypti* mosquitoes infected with the virus. Although *Aedes albopictus* can transmit the dengue virus and has been detected in Asia in recent years^[21], the *Aedes aegypti* mosquito is still the principal vector of dengue virus transmission. Interestingly, while dengue fever previously has been known to attack mainly children of primary school age, now everybody is vulnerable to the fever^[16].

1.2 Dengue fever in South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia

Indonesia stands as the Southeast Asian country with the second largest number of cases of dengue fever in Southeast Asia after Thailand. South Sulawesi is one of the Indonesian provinces with the greatest number of sufferers of dengue fever. In 2008, the highest number of dengue fever cases were found in the cities like Bone, Bulukumba, Pinrang, Makassar and Gowa (between 217 and 668 cases), while in the cities of North Luwu, Tator, Enrekang, Maros, Jeneponto and Selayar no cases were found, as reported by The Division of Disease Control, Public Health Department (DPH).

Malaysia is not exempt from this disease; in fact, the first dengue fever case in Malaysia was reported in 1902^[4]. A spokesman for the Malaysian Ministry of Health said in 2008 that the highest numbers of dengue cases were reported in the state of Selangor (2,391 cases with 5 deaths). Until June 2010, deaths from dengue fever increased to 90 cases and overall 41034 cases were reported in 2010. About 10,318 cases of dengue have been reported since January 2010 with the metropolitan area of Kajang in Selangor state reporting the most cases, totaling 1,930. However, the Selangor state government has said that 32 people died of dengue fever in the state, with both Shah Alam and Subang Jaya urban areas reporting six deaths, whereas Kajang recorded only one severe case not ending in death^[9, 15].

2 The SIR model for dengue fever disease

The SIR mathematical model simulates the spread of serotypes 1 of dengue virus between host and vector. The model is based on the Susceptible, Infected, and Removed (SIR) model of infectious disease epidemiology, which was adopted by [14, 22]. The SIR model identifies two populations, a human population (N_h) and a vector population (N_v). The human population (N_h) is divided into three groups: people who may potentially get infected with dengue virus (susceptible; S_h), people who are infected with dengue (infected; I_h), and people who have recovered (removed; R_h). The vector population of mosquitoes (N_v) is divided into two groups: mosquitoes that may potentially become infected with dengue virus (susceptible; S_v) and mosquitoes that are infected with dengue virus (infected; I_v).

In this paper, it is assumed that a number of people in the population have already been infected by the virus while others have not. It is also assumed that the transmission of the virus continues in the population, but the number of mosquitoes is constant. The number of mosquitoes as the vector is assumed to be constant. Both people and mosquitoes are categorized in one group at a time. The rate of change in the total host population which may easily be infected over the time due to host population birth rate is $(\mu_k N_k)$; people in category S_h have the probability of being infected with dengue virus at a rate $\frac{\beta_h b I_v}{N_h}$, where $\beta_h b$ is sufficient rate of correlation of vector population to human population. β_h represents the probability of infection from an infected individual to a mosquito that is susceptible to infection, while b represents the average number of bites per infected mosquito. Deaths of the susceptible host are represented by $(\mu_h S_h)$.

The rate of change in the number of the infected host depends on the host infected population. A death among the infected host population is represented by $(\mu_h I_h)$, while members of the host population that recover their health after infection is $(\gamma_h I_h)$. In addition, the total host population that has recovered (R_h) will change according to changing times. The rate changes for a healthy population of the total time is the difference of the host recovers from infection $(\gamma_h I_h)$ with total mortality in healthy host $(\mu_h R_h)$.

Changes for the group S_v show that each individual in the susceptible population has a probability of being bitten by mosquitoes infected with dengue virus at a rate $\left(\frac{\beta_v b I_h}{N_h}\right)$, where $\beta_v b$ is the sufficient rate of correlation of human to vector, including the probability of transmission from infected humans to potentially infected mosquitoes (β_v). The number of deaths among the susceptible mosquito population is $\mu_v S_v$ at any given time, and total mortality of the population of infected mosquitoes is $(\gamma_v I_v)$. Changes that occur in all groups of people and of mosquitoes can be defined in a mathematical model of host-vector interaction comprising non-linear differential equations as follows:

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h, \tag{1}$$

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h, \tag{2}$$

$$\frac{d}{dt} R_h = \gamma_h I_h - \mu_h R_h. \tag{3}$$

Vector population

$$\frac{d}{dt} S_v = \mu_v N_v - \frac{b \beta_v}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v, \tag{4}$$

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v, \tag{5}$$

with the condition

$$S_h + I_h + R_h = N_h \Rightarrow R_h = N_h - S_h - I_h, \tag{6}$$

$$S_v + I_v = N_v = \frac{A}{\mu_v} \Rightarrow S_v = N_v - I_v = \frac{A}{\mu_v} - I_v. \tag{7}$$

Thus, the model for the human and mosquito populations can be simplified as follows:

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h, \tag{8}$$

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h, \tag{9}$$

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v. \tag{10}$$

The model can be simplified by assuming the following fractions:

$$x = \frac{S_h}{N_h}, y = \frac{I_h}{N_h} \text{ and } z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A/\mu_v}. \tag{11}$$

Thus, the model for the human and mosquito populations can be simplified as follows:

$$\frac{dx}{dt} = \mu_h(1 - x(t)) - \alpha x(t)z(t), \tag{12}$$

$$\frac{dy}{dt} = \alpha x(t)z(t) - \beta y(t), \tag{13}$$

$$\frac{dz}{dt} = \gamma(1 - z(t))y(t) - \delta z(t), \tag{14}$$

with the value $\alpha = \frac{b\beta_h A}{\mu_v N_h}$, $\beta = \gamma_h + \mu_h$, $\gamma = b\beta_v$, $\delta = \mu_v$.

A critical point will occur when the value of

$$\frac{dx}{dt} = \frac{dy}{dt} = \frac{dz}{dt} = 0. \tag{15}$$

Insert Eqs. (12), (13) and (14) into Eq. (15) yielding:

$$\mu_h(1 - x(t)) - \alpha x(t)z(t) = 0, \quad (16)$$

$$\alpha x(t)z(t) - \beta y(t) = 0, \quad (17)$$

$$\gamma(1 - z(t))y(t) - \delta z(t) = 0. \quad (18)$$

Inserting Eqs. (16) and (17) into Eq. (18) indicates that the equilibrium points of the system are: $F_1 = (1, 0, 0)$ and $F_2 = (x_0, y_0, z_0)$ with the values

$$x_0 = \frac{\mu_h\gamma + \beta\delta}{\gamma(\mu_h + \alpha)}, \quad y_0 = \frac{\mu_H(\gamma\alpha + \beta\delta)}{\beta\gamma(\mu_H + \alpha)} \quad \text{and} \quad z_0 = \frac{\mu_H(\gamma\alpha + \beta\delta)}{\alpha(\gamma\mu_H + \beta\delta)}. \quad (19)$$

Linearization of Eqs. (12), (13) and (14) on the equilibrium point (1,0,0) yields the following equation:

$$\begin{pmatrix} \frac{dx}{dt} \\ \frac{dy}{dt} \\ \frac{dz}{dt} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\mu_h & 0 & -\alpha \\ 0 & -\beta & \alpha \\ 0 & \gamma & -\delta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix}. \quad (20)$$

Using MAPLE, Eq. (20) leads to three eigen value equations as follows:

$$\lambda^3 + (\mu_h + \beta + \delta)\lambda^2 + (\mu_h\beta + \mu_h\delta + \beta\delta - \alpha\gamma)\lambda + (\mu_h\beta\delta - \mu_h\alpha\gamma) = 0, \quad (21)$$

with eigenvalues

$$\lambda_1 = -\mu_h, \quad \lambda_2 = -\frac{\beta + \delta + \sqrt{\beta^2 - 2\beta\delta + \delta^2 - 4\alpha\gamma}}{2} \quad \text{and} \quad \lambda_3 = -\frac{\beta + \delta - \sqrt{\beta^2 - 2\beta\delta + \delta^2 - 4\alpha\gamma}}{2}. \quad (22)$$

Linearization of Eqs. (12), (13) and (14) on the equilibrium point (x_0, y_0, z_0) yields the following equation:

$$\begin{pmatrix} \frac{dx}{dt} \\ \frac{dy}{dt} \\ \frac{dz}{dt} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\mu_h - \alpha\left(\frac{\mu_h(\alpha\gamma + \beta\delta)}{\alpha(\mu_h\gamma + \beta\delta)}\right) & 0 & -\alpha\left(\frac{\mu_h + \beta\delta}{\gamma(\mu_h + \alpha)}\right) \\ \alpha\left(\frac{\mu_h(\alpha\gamma + \beta\delta)}{\alpha(\mu_h\gamma + \beta\delta)}\right) & -\beta & \alpha\left(\frac{\mu_h + \beta\delta}{\gamma(\mu_h + \alpha)}\right) \\ 0 & \gamma\left(1 - \left(\frac{\mu_h(\alpha\gamma + \beta\delta)}{\alpha(\mu_h\gamma + \beta\delta)}\right)\right) & -\gamma\left(\frac{\mu_h(\alpha\gamma + \beta\delta)}{\beta\gamma(\mu_h + \alpha)}\right) - \delta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix}. \quad (23)$$

2.1 SIR model equilibrium point for South Sulawesi, Indonesia, and Selangor, Malaysia

Parameters in this model are variously determined. Some of the parameter values are taken from the Annual Health Facts published by KKM^[8] and KKRI^[10] supplemented by data from a previous study by Derouich and Boutayeb^[3] where there is a gap in the KKMa data. In addition, the model also used parameter values from Singapore. Lee's^[12] study found that infection rate of the mosquito population is around 10 percent. According to Lee^[11], life expectancy for the female *Aedes aegypti* is between 12 and 56 days, averaging 34 days. The findings of this study on Singapore cases were used in this model because Singapore, Indonesia and Malaysia are geographic neighbors, hence the three countries have a similar environment and climate, with similar values of the parameter estimates for mosquito infection rates in Indonesia and Malaysia. The following table gives parameters, values and sources of parameter data.

The equilibrium points were determined using the SIR model with set parameters for the state of South Sulawesi. Then, to determine the critical point, Eqs. (16), (17) and (18) were set equal to zero, as shown below.

$$0.000046(1 - x) - 0.2925xz = 0, \quad (24)$$

$$0.2925xz - (0.328833 + 0.000046)y = 0, \quad (25)$$

$$0.375(1 - z)y - 0.0323z = 0. \quad (26)$$

Table 1. Parameter values

Name of Parameter	Notation	Value (INA and MY)	Sources
Infected rate of host to recover	r_h	0.3288330	KKRI (2008) [10] & KKM (2007) [8]
Effective contact rate, human to vector	$b\beta_v$	0.3750000	Derouich & Boutayeb (2006) [3]
Effective contact rate, vector to human	$b\beta_h$	0.7500000	Derouich & Boutayeb (2006) [3]
Human life span	μ_h	0.0000460 & 0.0045000	KKRI (2008) [10] & KKM (2007) [8]
Vector life span	μ_v	0.0323000 & 0.0294100	KKRI (2008) [10] & Lee (2000) [11]

The equilibrium points for the SIR model are

$$(x, y, z) = (S_h, I_h, I_v) = (1, 0, 0)$$

and

$$(S_h, I_h, I_v) = (0.096988, 0.000126, 0.00148).$$

Use of the MAPLE software identified eigen values of λ as follows:

At the equilibrium point (1,0,0), eigen values $\lambda = -0.000046$, $\lambda = -0.543463$ and $\lambda = 0.182284$.

At equilibrium point (0.096988, 0.000126, 0.00148), eigen values $\lambda = -0.000244 + 0.003563i$, $\lambda = -0.000244 - 0.003563i$ and $\lambda = -0.361218$

Equilibrium points were determined using the SIR model with set parameters for the state of Selangor. Then, to determine the critical point, Eqs. (16), (17) and (18) were set equal to zero, as shown below:

$$0.0045(1 - x) - 0.006xz = 0, \quad (27)$$

$$0.006xz - (0.328833 + 0.0045)y = 0, \quad (28)$$

$$0.375(1 - z)y - 0.02941z = 0. \quad (29)$$

The equilibrium points for the SIR model for South Sulawesi were found to be:

$$(x, y, z) = (S_h, I_h, I_v) = (1, 0, 0)$$

and

$$(S_h, I_h, I_v) = (2.918184, -0.025896, -0.493004).$$

The equilibrium points (2.918184, -0.025896, -0.493004) were not suitable for study because only the value of S_h is positive while the other values are negative, which is illogical.

Use of the MAPLE software obtained eigen values of λ as follows:

At the equilibrium point (1,0,0) eigen values were $\lambda = -0.0045$, $\lambda = -0.340564$ and $\lambda = -0.022179$.

At equilibrium point (2.918184, -0.025896, -0.493004), eigen values were $\lambda = -0.006746$, $\lambda = 0.013928$ and $\lambda = -0.361756$.

2.2 SIR model for stability analysis in South Sulawesi and Selangor

Results of the SIR model solution in search of equilibrium points and eigen values are shown in Tab. 2.

Referring to the obtained equilibrium points, the results in Tab. 2 shows two equilibrium points that are saddle points. The equilibrium point for the state of South Sulawesi is a saddle point, indicating no occurrence of dengue virus infection since there are no infected humans or infected mosquitoes. Every human in the population is healthy and not infected with the virus. The second equilibrium point (0.096988, 0.000126, 0.00148) shows that if the number of people in South Sulawesi were to reach 0.097 of the total suspect population and if the number of infected people were infected at a rate of 0.0001 of the human population, the focus of dengue

Table 2. Equilibrium points and stability analysis model

Equilibrium points (S_v, I_v, R_v)	Eigen values	Stability Analysis
(1,0,0)	Real and opposite sign	saddle point
(0.096988,0.000126,0.00148)	Complex and all negative signs	focus stable asymptotically
(1,0,0)	Real and all negative signs	Node Stable

fever would be stable and present no significant concerns, except as in certain areas infection would start to increase again. Therefore, precautionary measures for areas that are the focus of dengue fever in South Sulawesi have been taken to prevent the occurrence of dengue virus infection, so the equilibrium point (1, 0, 0) for those states is stable. This indicates that all human populations are healthy as there is no occurrence of dengue virus infection and no infected mosquitoes.

3 Results and discussion

Several investigations have been conducted using the SIR model. The particular SIR model which proves most suitable for the states of South Sulawesi and Selangor is the model in [14] and [22] because the results obtained are appropriate for the data reported by the Ministry of Health in each country. In this section, we describe the results of the SIR model for both countries.

3.1 SIR model for South Sulawesi, Indonesia

A simulation was carried out using ODESOLVE, MATLAB. Data on the number of dengue fever cases in the state of South Sulawesi, Indonesia, are given in Fig. 1, and results for the SIR model for the state of South Sulawesi are described in Fig. 2, where the x-axis is time (months) and the y-axis is the fraction of the variables. SIR model simulation for the state of South Sulawesi using MATLAB $S_h(0) = \frac{7675406}{7675893}$, $I_h(0) =$

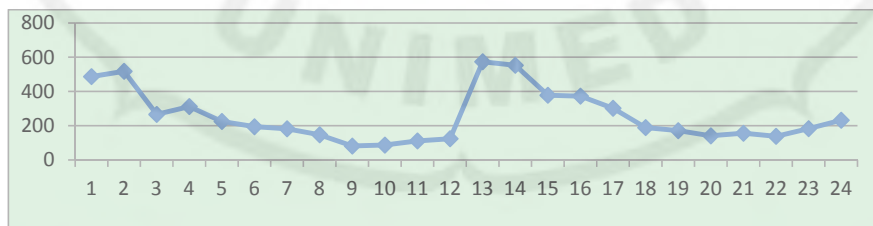


Fig. 1. Number of cases reported to the South Sulawesi, Indonesia, in 2007 and 2008 by month

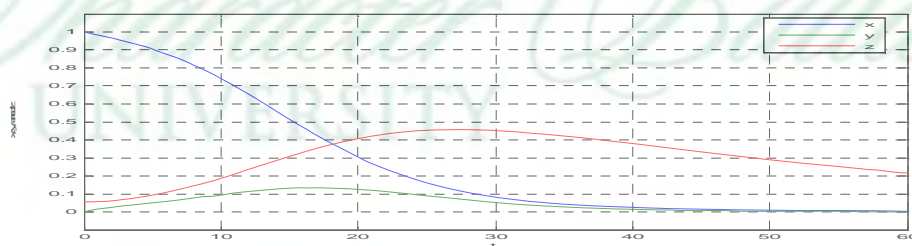


Fig. 2. Transmission of dengue fever with initial condition

$\frac{487}{7675893}$ and $I_v(0) = 0.056$ with parameter $\mu_k = 0.000046$, $C_{vh} = 0.75$, $C_{hv} = 0.375$, $\gamma_h = 0.328833$ and $\mu_v = 0.0323$.

The data in Fig. 2, generated using MATLAB, can be compared with the data obtained from the Indonesian Ministry of Health (KKRI) for South Sulawesi, as shown in Fig. 1. The product of the SIR model diagram is compatible with the diagram product of real data.

According to Fig. 1, the number of dengue virus cases (in SIR terms, virus-infected humans) will reach the maximum level within the next 12 months, while Fig. 2 shows that the number of infected people takes 14 months to reach its highest level of 10% of the human population, and the number of people infected will be reduced to close to zero for the next 35 months. This is because the parameters used were inappropriate, although the determination of these parameters meet the requirements of the SIR model that recovery rate must be smaller than the rate of infection [19]. Meanwhile, the number of infected mosquitoes (Fig. 2) takes about 23 months to reach its peak at 40% of the population of mosquitoes. In addition, the number of infected mosquitoes takes more than 60 months to approach zero point. This indicates that the vector mosquito population takes more time to eliminate than does the number of infected people. A graph of the SIR model using MATLAB and data from Ministry of Health (KKRI) is presented in Fig. 5.

3.2 The SIR model for Selangor, Malaysia

A simulation was carried out using ODESOLVE and MATLAB. Data on the number of dengue fever cases in the state of Selangor, Malaysia, are given in Fig. 3, and the results from each model are described in Fig. 4, where the x-axis is a time series (in months) and the y-axis is the fraction of the variables. Result

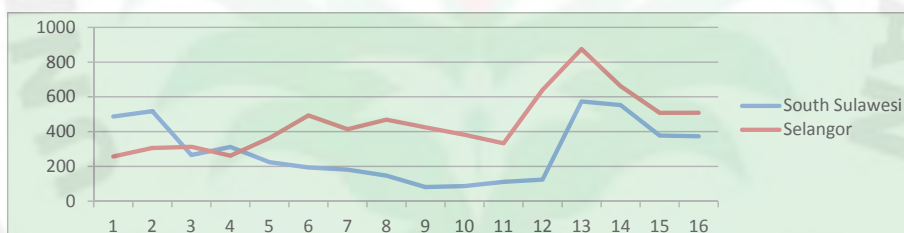


Fig. 3. Number of dengue cases reported in Selangor, Malaysia and South Sulawesi, Indonesia in 2008 by month

of SIR model simulation for the state of Selangor using MATLAB $S_h(0) = \frac{5070822}{5071126}$, $I_h(0) = \frac{304}{5071126}$ and

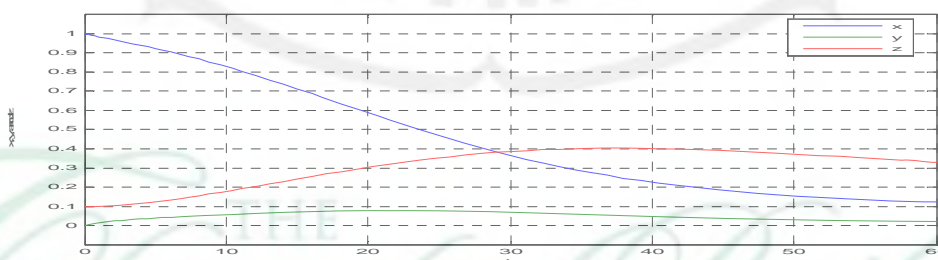


Fig. 4. Transmission of dengue fever with initial condition

$I_v(0) = 0.1$ with parameter $\mu_k = 0.0045$, $C_{vh} = 0.75$, $C_{hv} = 0.375$, $\gamma_h = 0.15$ and $\mu_v = 0.02941$.

Data from Fig. 4, generated from the MATLAB simulation, can be compared with the data obtained from the Malaysian Ministry of Health (KKMa) shown in Fig. 3 and outcomes from Fig. 4 based on SIR model results. According to Fig. 3, the number of dengue fever cases (virus-infected humans) will reach the maximum level within the next 12 months. However, Fig. 4 shows that the number of infected people takes 14 months to reach its highest level of 10% of the human population and the number of infected people will be reduced to close to zero for the next 35 months. Again, this finding arises because the parameters used were inappropriate, although the determination of these parameters met the requirements of the SIR model that recovery rate must be smaller than the rate of infection. Meanwhile, the number of infected mosquitoes

from Fig. 4 takes approximately 23 months to reach its peak of 40% of the population of mosquitoes. In addition, the number of infected mosquitoes takes more than 60 months to approach zero level. This indicates that it takes longer to eliminate the mosquito population than to eliminate infections among the human host population.

Noting the number of dengue cases reported during 2007 and 2008, the occurrence of dengue fever had not reached a very serious level in either of these two countries in general and for the states under study in particular. The number of reported dengue fever cases was as high as 10% of the population both in South Sulawesi and in Selangor. A graph of the SIR model generated using MATLAB, data from the Malaysian Ministry of Health (KKMa) and the Indonesian Ministry of Health (KKRI) is presented in Fig. 5.

presented in Figure 5.

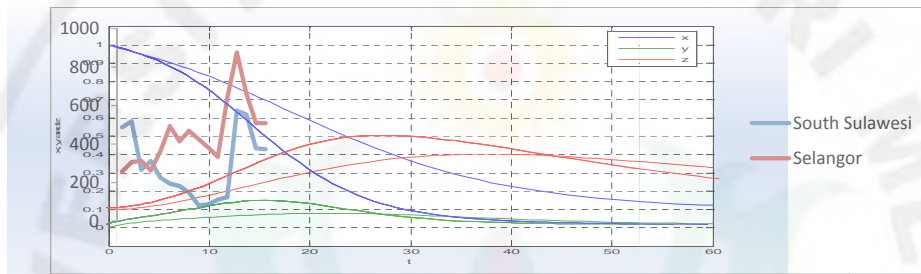


Fig. 5. Graph of SIR model and data from Indonesian and Malaysian Ministries of Health (KKRI and KKMa respectively)

3.3 Breeding rates, r_0

Searching for the re-breeding rate $R_0 = \frac{C_{hv}I_v/N_h}{\gamma_h} S(0)$ is important because this rate shows how many infections will occur among humans as a result of an infection by a mosquito. If an infection can go on to infect more than one other ($R_0 > 1$), then dengue fever becomes epidemic. Determination of the re-breeding rate has been introduced by [13].

The impetus for determining the value of is to predict the infection rate of humans who have the potential to be infected ($C_{hv}I_v/N_h$) and rates for humans who have recovered (γ_h). A simulation was carried out using ODESOLVE, MATLAB. Stability analysis was carried out for the epidemic and values of the threshold were obtained. Illustration of the dynamics of each epidemic is given in Fig. 6 and Fig. 7.

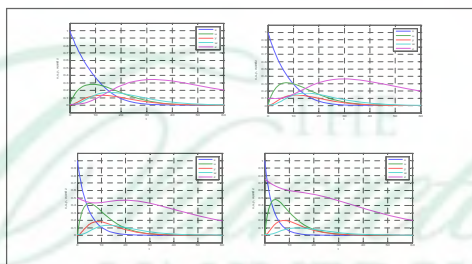


Fig. 6. Illustration of the dynamics system with $R_0 \leq 1$ (Convergence)

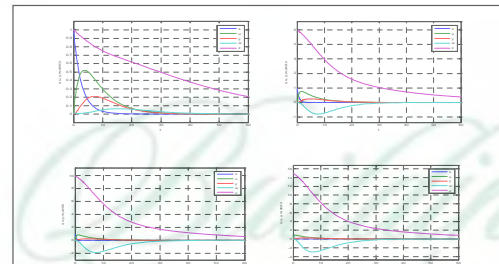


Fig. 7. Illustration of the dynamics system with $R_0 > 1$ (Oscillation)

Fig. 6 shows the typical behavior of the solutions, indicating that the rate of SIR approaches, asymptotically, the trivial state of the system (the ideal state) to the case where all the population will remain healthy (in this case $R_0 \leq 1$).

Fig. 7 illustrates an oscillatory behavior near the neighborhood of the endemic equilibrium point. This behavior can be justified if $R_0 > 1$ and if the initial value I_h satisfies the solution. Using the initial values and

parameter values from data in both countries, the obtained result of threshold parameter value R_0 for South Sulawesi and for Selangor can be rewritten in mathematical form as follows:

$$R_0 \text{ for the state of South Sulawesi is } R_0 = \frac{C_{hv}I_v/N_h}{\gamma_h} S(0) = 1.1403I_v,$$

$$R_0 \text{ for the state of Selangor is } R_0 = \frac{C_{hv}I_v/N_h}{\gamma_h} S(0) = 1.1403I_v.$$

The reproductive rate depends on the number of infected mosquitoes (I_v). Determination of value R_0 depends on the value of I_v by replacing some of the different values shown in Tab. 3, the difference between these values is very significant.

Table 3. Determination of the re-breeding value R_0 of infected mosquitoes

I_v value	R_0 value
0.056	0.0639
0.1	0.11403
1	1.1403
5	5.7015

Tab. 3 shows that, if the number of infected mosquitoes is less than one ($I_v < 1$), then the value $R_0 < 1$. This applies to the cases from both states. Thus, cases of dengue fever in the state of South Sulawesi and the state of Selangor are not worrying since the obtained results show that the dengue virus infection is low as an infected individual will give rise to less than one individual with the potential to infect others. If the number of infected mosquitoes is more than one ($I_v > 1$), then the value $R_0 > 1$, so the transmission of dengue virus caused more than one person to be infected with dengue virus.

4 Conclusions

The SIR model results show that the danger of dengue fever is not worrisome for cities in both South Sulawesi and Selangor. However, precautions must be taken, especially for some cities in South Sulawesi. Moreover, the study also found that the dengue fever virus for both countries spreads rapidly if the transmission rate between humans and mosquitoes is high. In fact, the number of infected people will reach a very high level of cases before it declines. In addition, dengue fever requires a very long time to reach the point where the number of infected people has zero value since dengue virus infection occurs when there is a continuous relationship between human and mosquito populations.

The results of the SIR model for reproduction/re-breeding for the two states showed that all mosquitoes infected with dengue virus have the potential to infect more than one person. As a whole, where the mosquito population in general and the infected mosquito population in particular can be controlled or eliminated, the dengue virus will be less transmissible or non-transmissible. Dengue virus infects humans whose potential to be infected depends largely on the number of infected mosquitoes. However, it must be noted that it is difficult to eliminate the population of *Aedes aegypti* as this mosquito prefers to lurk in dark and hidden places.

References

[1] K. Ang, Z. Li. Modeling the spread of dengue in singapore. **in:** *In Conference Proceedings for the International Congress on Modeling and Simulation 1999*, vol. 2, Hamilton, New Zealand,, 2002, 555–560.
 [2] CDC. Dengue fever sheet, 2008. [Http://www.cdc.gov/ncidod/dvbid/dengue/](http://www.cdc.gov/ncidod/dvbid/dengue/).
 [3] M. Derouich, A. Boutayeb. Dengue fever: mathematical modelling and computer simulation. *Applied Mathematics and Computation*, 2006, **177**(2): 528–544.
 [4] M. Derouich, A. Boutayeb, E. Twizell. *A model of dengue fever*, 1–10. Brunel University Press, 2003.
 [5] O. Diekmann, J. Hesterbeek. *Mathematical epidemiology of infectious diseases*. John Wiley, Chichester, 2000.
 [6] L. Esteva, C. Vargas. Analysis of dengue disease transmission model. *Math Biosciences*, 1998, **150**: 131–135.

- [7] L. Esteva, C. Vargas. Influence of vertical and mechanical transmission on the dynamics of dengue disease. *Math Biosciences*, 2000, **167**: 51–64.
- [8] KKM. 2007. Health Facts 2007.
- [9] KKM. The current situation of dengue fever in malaysia epid week 1. *Director of infection control*, 2009. Newspaper Fact.
- [10] KKRI. Dengue fever is still high in south sulawesi. *Tribun Timur Makassar*, 2009. Newspaper fact.
- [11] L. Lee. Aedes: mosquitoes that spread dengue fever. In *Mosquitoes and mosquitoes-borne diseases: biology, surveillance, control, personal and public protection measures*, 45–61. Malaysia: Akademi Sains Malaysia.
- [12] L. Lee. Population of aedes aegypti dengue, 2009. Interview.
- [13] J. Murray. *Mathematical Biology. 1. An introduction*. New York: Springer-Verlag, 2001.
- [14] N. Nuraini, E. Soewono, K. Sidarto. Mathematical model of dengue disease transmission with severe dhf compartment. *Bulletin of the Malaysian Mathematical Sciences Society*, 2007, **30**(2): 143–157.
- [15] P. Pongsumpun. Transmission model for dengue disease with and without the effect of extrinsic incubation period. *KMITL Sci. Tech.*, **6**: 74–82. Thailand.
- [16] P. Pongsumpun, I. Tang. A realistic age structured transmission model for dengue hemorrhagic fever in thailand. *Mathematical & Computer Modelling*, 2001, **32**: 336–340.
- [17] E. Soewono, A. K. Supriatna. A two-dimensional model for the transmission of dengue fever disease. *Bulletin of the Malaysian Mathematical Sciences Society*, 2005, **24**: 49–57.
- [18] Sudarianto. Beware of dengue fever, 2010. [Http://dinkessulsel.go.id/new/index.php?option=com_content&task=view&id=48](http://dinkessulsel.go.id/new/index.php?option=com_content&task=view&id=48).
- [19] T. Tassier. Sir model of epidemic, 2005. [Www.ma.utexas.edu/users/mks/RA/SIR.pdf](http://www.ma.utexas.edu/users/mks/RA/SIR.pdf).
- [20] P. Usman. *Modeling mathematics for dengue fever disease*. ITB, Bandung.
- [21] WHO. Fact sheets : Dengue and dengue haemorrhagic fever, 2009. [Http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/en/](http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/en/).
- [22] Y. Yaacob. Analysis of a dengue disease transmission model without immunity. *MATEMATIKA*, 2007, **23**(2): 75–81. Universiti Teknologi Malaysia.



KEMENTERIAN PENDIDIKAN DAN KEBUDAYAAN
UNIVERSITAS NEGERI MEDAN
(STATE UNIVERSITY OF MEDAN)
LEMBAGA PENELITIAN UNIMED

Jl. W. Iskandar Psr. V-Kotak Pos No.1589 Medan 20221 Telp. (061) 6636757, Fax. (061) 6636757, atau (061) 6613365
Psw 228.E-mail: Penelitian_Unimed@Yahoo.com - penelitian_unimed@gmail.com.

SURAT PERJANJIAN PENELITIAN

No.:020A/UN33.8/KEP/KU/2013

TANGGAL : 01 Maret 2013

Pada hari ini Jum'at tanggal satu bulan Maret tahun dua ribu tiga belas, kami yang bertanda tangan di bawah ini :

1. Prof. Drs. Manihar Situmorang, M.Sc., Ph.D : Ketua Lembaga Penelitian Universitas Negeri Medan, dan
atas nama Rektor Unimed, dan dalam perjanjian ini disebut
PIHAK PERTAMA.

2. Yulita Moliq Rangkuti, S.Si., M.Sc., Ph.D : Dosen FMIPA bertindak sebagai Peneliti/Ketua pelaksana
Penelitian, selanjutnya disebut PIHAK KEDUA.

Kedua belah pihak secara bersama-sama telah sepakat mengadakan Surat Perjanjian Penelitian dengan ketentuan sebagai berikut :

Pasal 1
JENIS PEKERJAAN

PIHAK PERTAMA memberi tugas kepada PIHAK KEDUA, dan PIHAK KEDUA menerima tugas tersebut untuk melaksanakan penelitian dengan judul : " Solusi Numerik Pemodelan Matematika SIR dan Seir untuk Penularan Demam Berdarah Dengan Metode Semi Analitik di Sulawesi Selatan. " yang menjadi tanggungjawab PIHAK KEDUA dengan masa kerja 9 (sembilan) bulan, terhitung mulai bulan Maret s/d Nopember 2013.

Pasal 2
PENGAWASAN

Untuk pelaksanaan pengawasan dan pengendalian pekerjaan adalah Lembaga Penelitian Unimed dan sistem pengendalian internal (SPI) Unimed.

Pasal 3
NILAI PEKERJAAN

PIHAK PERTAMA memberikan dana penelitian sebesar Rp. 30.000.000,- (Tiga puluh juta rupiah), berdasarkan Surat Direktur Penelitian dan Pengabdian Kepada Masyarakat Nomor : 0019/ES.2/PL/2012 Tanggal 5 Januari 2013 tentang Pendanaan Hibah Penelitian Desentralisasi (Penelitian Fundamental).

Pasal 4
JANGKA WAKTU PENELITIAN

Jangka waktu pelaksanaan pekerjaan sampai 100% yang disebut pada pasal 1 perjanjian ini ditetapkan selama 272 hari kalender terhitung sejak tanggal 1 Maret 2013 s/d 31 November 2013. Waktu penyelesaian tersebut dalam tidak bisa dirubah oleh PIHAK KEDUA.

Pasal 5
LAPORAN

1. PIHAK KEDUA harus menyerahkan laporan kemajuan penelitian I pada bulan Juli 2013 dan memasukkan kemajuan penelitian secara on line di Ssimlitabmas.dikti.go.id.
2. PIHAK KEDUA harus melakukan Monitoring dan Evaluasi yang dilakukan secara Internal untuk penelitian lapangan oleh Lembaga Penelitian Unimed pada bulan Juli 2013 secara Eksternal oleh DITLITABMAS DIKTI DEPDIKBUD, dan peneliti wajib menyerahkan laporan kemajuan pada minggu I bulan Juli tahun 2013.
3. PIHAK KEDUA harus menyerahkan Draft laporan Hasil Penelitian pada Minggu I bulan November 2013, dibuat rangkap 2.
4. PIHAK KEDUA harus melakukan DESIMINASI Hasil Penelitian pada Minggu ke 1-2 bulan November 2013. Dikoordinasi oleh Lemlit Unimed.
5. PIHAK KEDUA menyampaikan laporan akhir pelaksanaan penelitian kepada PIHAK PERTAMA sebanyak 8 (delapan) exemplar paling lambat tanggal 22 November 2013 dan 2 soft copy dalam bentuk pdf.
6. PIHAK KEDUA wajib menyampaikan laporan realisasi dana pelaksanaan pekerjaan penelitian kepada PIHAK PERTAMA sebanyak (2) rangkap

7. Sistematika laporan akhir penelitian harus memenuhi ketentuan sebagai berikut :
 - a. Bentuk ukuran kertas kwarto
 - b. Warna cover disesuaikan dengan ketentuan yang ditetapkan oleh Ditjen Dikti dalam buku panduan Edisi IX Tahun 2013
 - c. Dibawah bagian kulit cover depan ditulis : dibiayai berdasarkan Surat Perjanjian Penelitian , Nomor 020A/UN33.8/LL/2013, Tanggal 1 maret 2013.
 - d. Melampirkan Surat Perjanjian Penelitian pada lampiran laporan.
 - e. PIHAK KEDUA wajib menyerahkan artikel, ringkasan kepada pihak pertama sebanyak dua rangkap + soft copy saat menyerahkan laporan penelitian sesuai dengan format dan ketentuan yang telah ditetapkan (dalam format Microsoft word).

Laporan Akhir Penelitian ini dibuat rangkap 8 (delapan) dengan ketentuan sebagai berikut:

- 1 (satu) pada Perpustakaan nasional
- 1 (satu) pada PDII LIPI
- 1 (satu) pada BAPENAS
- 1 (satu) perpustakaan Unimedi
- 1 (satu) pada Lembaga Penelitian Unimed
- 1 (satu) untuk fakultas ybs.
- 1 (satu) untuk jurusan/prodi ybs.

Demikian surat Perjanjian Penelitian ini diperbuat untuk diketahui dan dilaksanakan sebagaimana mestinya.



Prof. Drs. Masnah Situmorang, M.Sc., Ph.D
NIP. 196008041986011001

PIHAK KEDUA

Yulita Moliq Rangkuti, S.Si., M.Sc., Ph.D
NIP. 197681222009122001

THE
Character Building
UNIVERSITY

INSTRUMEN PENELITIAN

Metode Iterasi Variasi dengan Maple

```
> restart;
> digits:=10;
      digits := 10

> x[0]:=7675406/7675893;y[0]:=487/7675893;z[0]:=0.056;N[h]:=
7675893;A := 0.01*N[h];mu[h] := 0.000046;bbeta[v] = 0.375;
bbeta[h] := 0.75;mu[v]:= 0.0323;alpha := (bbeta[h]*A)/(mu[
v]*N[h]);
G[h]:= 0.32883300;beta:= G[h]+mu[h];
G := 0.375;delta:= mu[v];C[vh] := 0.75;term:=10;n:=0;
      x0 :=  $\frac{7675406}{7675893}$ 
      y0 :=  $\frac{487}{7675893}$ 
      z0 := 0.056
      Nh := 7675893
      A := 76758.93
      μh := 0.000046
      bbetav = 0.375
      bbetah := 0.75
      μv := 0.0323
      α := 0.2321981424
      Gh := 0.32883300
      β := 0.32887900
      G := 0.375
      δ := 0.0323
      Cvh := 0.75
      term := 10
      n := 0

> for k from 0 to term-1 by 1 do
#x[k+1]:=x[k]-int((exp(-mu[h]*(-
t+s)))*(diff(subs(t=s,x[k]),s)-mu[h]*(1-
subs(t=s,x[k]))+alpha*subs(t=s,x[k])*subs(t=s,z[k])),s=0..t#);
```

```

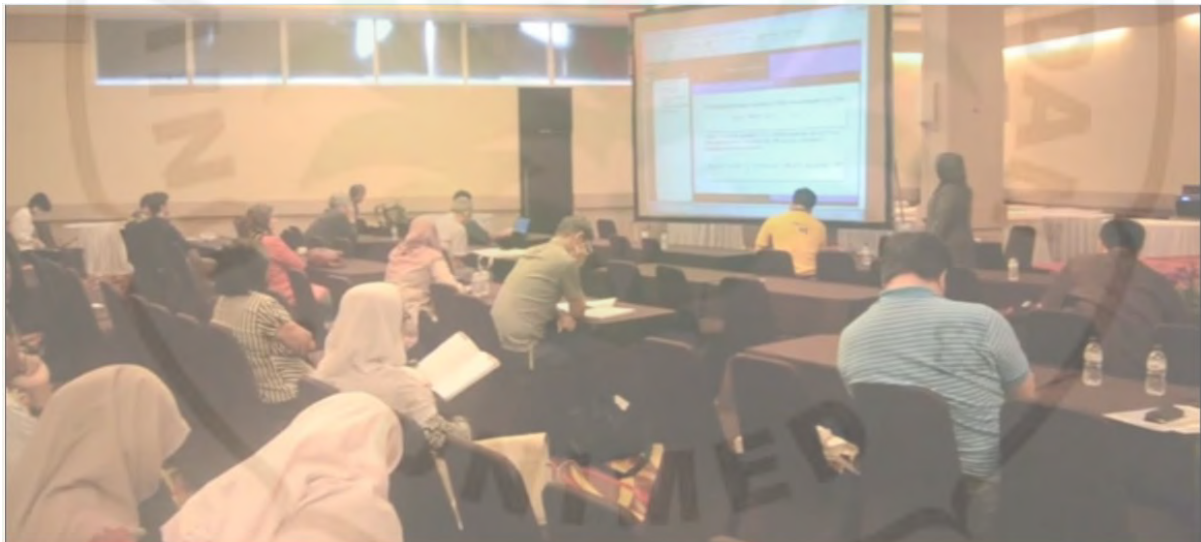
#y[k+1]:=y[k]+int((exp(beta*(-t+s)))*(diff(subs(t=s,y[k]),s)-
alpha*subs(t=s,x[k])*subs(t=s,z[k])+beta*subs(t=s,y[k])),s=0..
t);z[k+1#]:=z[k]-int((exp(delta*(-
t+s)))*(diff(subs(t=s,z[k]),s)-G*(1-
subs(t=s,z[k]))*subs(t=s,y[k])+delta*subs(t=s,z[k])),s=0..t);

x[k+1]:=x[k]-int((1)*(diff(subs(t=s,x[k]),s)-mu[h]*(1-
subs(t=s,x[k]))+alpha*subs(t=s,x[k])*subs(t=s,z[k])),s=0..t);
y[k+1]:=y[k]-int((1)*(diff(subs(t=s,y[k]),s)-
alpha*subs(t=s,x[k])*subs(t=s,z[k])+beta*subs(t=s,y[k])),s=0..
t);z[k+1]:=z[k]-int((1)*(diff(subs(t=s,z[k]),s)-G*(1-
subs(t=s,z[k]))*subs(t=s,y[k])+delta*subs(t=s,z[k])),s=0..t);
end do:
> evalf(x[term]):#latex(%);
> evalf(y[term]):
> evalf(z[term]):
> step:=0.1;
                                step := 0.1

> for t from 0 by step to 64 do
VIMx[n]:=evalf(x[term]);
VIMy[n]:=evalf(y[term]);
VIMz[n]:=evalf(z[term]);;
value[n]:=t;
n:=n+1
end do:
> fd := fopen("D:\\Pak-udin\\HasilSIR\\VIM_itr10_SIR
_Sulawesi_step=0.1-t=64.dat", WRITE);
fprintf(fd,"      t      VIMx      VIMy      VIMz      \n");
for i from 0 to n-1 by 1 do
    fprintf(fd,"%5.3f  %8.10f %8.10f %8.10f  \n", value[i],
VIMx[i], VIMy[i],VIMz[i]);
od:
fclose(fd);
                                fd := 0

```


International conference photo



THE
Character Building
UNIVERSITY