

## BAB IV

# MODEL SIR DAN SEIR

Bab ini menguraikan penurunan model matematika SIR dan SEIR pada penularan penyakit demam berdarah (DBD) yang merupakan sistem persamaan diferensial biasa berdimensi lima dan berdimensi tujuh. Kedua model kemudian disederhanakan berdasarkan asumsi sehingga membentuk sistem persamaan diferensial biasa berdimensi tiga dan berdimensi lima. Bagian selanjutnya akan menguraikan langkah-langkah solusi numerik yang terdiri dari empat metode dalam menyelesaikan model matematika SIR dan SEIR.

### 4.1 Pendahuluan

Studi terakhir menunjukkan bahwa epidemi demam berdarah sangat dipengaruhi oleh jumlah vektor yang ada sebagai pembawa virus dengue. Tanpa vektor, tidak ada infeksi yang terjadi pada manusia. Setiap manusia yang sehat adalah berpotensi terinfeksi virus dengue ketika nyamuk aedes aegypti menggigit. Virus ini menular ke dalam tubuh manusia melalui gigitan nyamuk yang berperan sebagai vektor. Satu dari sifat nyamuk aedes pada penyebaran demam berdarah adalah gigitan

berulang. Gigitan yang dimaksud akan menularkan virus melalui air liurnya, sehingga orang yang sehat menjadi sakit akibat terinfeksi dan setiap nyamuk dapat menulari beberapa orang sekaligus. Virus ini berada di dalam darah manusia antara 3 sampai 15 hari dan pada waktu itulah pengidap berpeluang menjadi penyebab penularan dengan masa inkubasi (sejak digigit sampai timbul gejala) penyakit ini berlangsung selama dua minggu.

Harapan hidup bagi nyamuk aedes betina adalah di antara 10 sampai 52 hari dan rata-rata hidup nyamuk ini adalah 31 hari dengan jarak terbang 100-200 meter (Tribun Timur 7 Maret 2010). Selain itu, proses infeksi virus turut pula terjadi ketika nyamuk yang tidak memiliki virus menggigit manusia yang terinfeksi, sedangkan masih ada darah di mulut nyamuk itu. Nyamuk itu kemudian menggigit manusia yang sehat, sehingga hubungan antara manusia dengan nyamuk sangat mempengaruhi proses infeksi virus demam berdarah serta penyebaran penyakit ini.

Model matematika tentang penyakit demam berdarah telah digunakan dan dimodifikasi, terutama dalam model SIR (Derouich & Boutayeb 2006; Esteva & Vargas 1998; Pongsumpun & Tang 2003; Pongsumpun 2006; Soewono & Supriatna 2001; Yusof 2007) dan model SEIR (Ang & Li 2002). Beberapa model SIR telah digunakan, tetapi model-model tersebut tidak semua sesuai dengan data riil untuk wilayah Asia Tenggara.

Model Ang dan Li (2002) juga menjelaskan tentang model SEIR tetapi hanya menguraikan variabel-variabel populasi manusia saja, sedangkan variabel nyamuk sebagai vektor dianggap sebagai satu kesatuan variabel  $V(t)$ . Akibat pemanasan



global, musim hujan pada saat ini tidak dapat lagi diprediksi. Kondisi ini juga mempengaruhi wabah kasus Demam yang terjadi setiap waktu. Oleh karena itu, dianggap bahwa periode laten (*Exposed*) dan variabel-variabel bagi vektor adalah sangat penting dalam proses infeksi demam berdarah, karena penyakit demam berdarah menjadi endemik sepanjang masa. Oleh sebab itu, berbeda dengan model SEIR yang dibangun oleh Ang & Li (2002), bagian ini akan membangun model matematika SEIR dinamis dari demam berdarah dengue dengan memeriksa semua variabel, baik variabel-variabel populasi maupun variabel-variabel vektor sehingga model SEIR ini paling sesuai untuk Sulawesi Selatan.

## 4.2 Model Dasar SIR

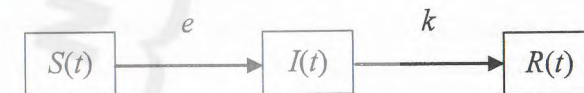
Nyamuk merupakan faktor utama penyebab penularan penyakit demam berdarah dengan menggigit manusia sehingga menyebabkan infeksi virus dengue. Esteva dan Vargas (1998) telah mempelajari bentuk penyebaran virus dengue antara dua populasi utama yaitu manusia sebagai host dan nyamuk sebagai vektor dengan menggunakan model SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*). Model SIR ini digunakan untuk mengkaji dan menjelaskan bentuk penyebaran infeksi dalam populasi manusia sebagai fungsi waktu.

Penyakit ini memungkinkan populasi dibagi menjadi tiga kelompok yang berbeda dan setiap manusia dalam populasi akan berada dalam satu dari kelompok itu. Manusia dapat berada dalam kelompok yang memiliki potensi untuk terinfeksi virus dengue dan dikenal sebagai *susceptible*,  $S(t)$ , atau kelompok yang telah terinfeksi dengan virus dengue dan dikenal sebagai

*Infected*,  $I(t)$ . Selain itu, manusia juga mungkin berada dalam kelompok manusia yang telah sembuh dari penyakit ini dan dikenal sebagai *Recovered*,  $R(t)$ . Setiap manusia hanya akan berada dalam satu kelompok saja pada satu waktu. Maka ketiga kelompok ini dapat didefinisikan dalam bentuk matematika sebagai berikut (Murray, 2011):

$$S(t) + I(t) + R(t) = N. \quad (4.1)$$

Hubungan ketiga populasi dapat disajikan ke dalam Gambar 4.1 berikut:



Gambar 4.1 Hubungan antara individu dalam kelompok *Susceptible*, *Infected* dan *Recovered*.

Pemodelan dari interaksi SIR berdasarkan asumsi bahwa kelompok manusia yang potensial untuk terinfeksi virus akan semakin berkurang dengan harga  $e$  dengan  $e$  adalah tingkat populasi yang rentan menjadi terinfeksi, ketika manusia dalam kelompok ini terinfeksi oleh virus dengue. Kemudian manusia itu akan berpindah ke kelompok manusia yang terinfeksi virus. Kelompok manusia yang ditulari virus akan bertambah pada  $e$  tetapi akan berkurang pada setiap waktu. Setiap manusia yang telah terinfeksi oleh virus dengue akan dirawat. Kemudian ketika manusia itu sembuh, manusia tersebut akan berpindah ke kelompok manusia yang telah sembuh dengan proporsional  $k$  (Murray 2001).



Pemodelan bagi tingkat perubahan jumlah populasi yang berpotensi untuk terinfeksi virus dengan proporsional terhadap jumlah kelompok yang terinfeksi dan populasi yang berpotensi untuk terinfeksi virus. Parameter  $e$  haruslah konstan dengan  $e > 0$  dan tanda negatif itu mewakili pengurangan bagi kumpulan *Susceptible* yang dapat dituliskan sebagaimana persamaan (4.2).

$$\frac{dS}{dt} = -e S I. \tag{4.2}$$

Demikian juga laju perubahan untuk kelompok *Infected* tergantung pada jumlah populasi yang terinfeksi dan jumlah kematian populasi yang terinfeksi yang dapat didefinisikan sebagaimana persamaan (4.3).

$$\frac{dI}{dt} = e S I - k I. \tag{4.3}$$

Laju perubahan jumlah populasi *Recovered* melalui parameter  $k$  dengan lajunya terhadap jumlah *Infected* dan  $k > 0$  tergantung kepada jumlah populasi yang terinfeksi  $kI$  yang didefinisikan sebagai persamaan (4.4).

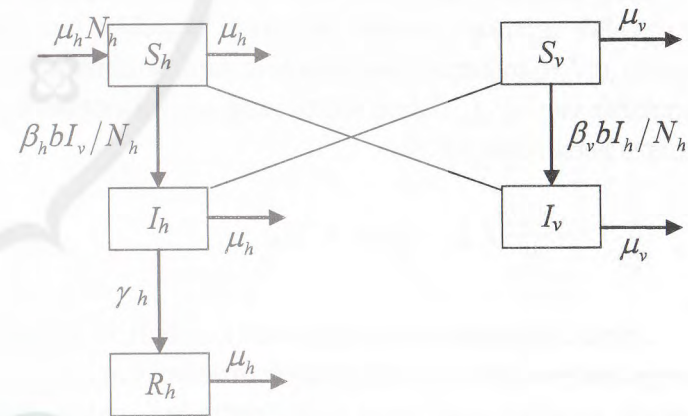
$$\frac{dR}{dt} = k I. \tag{4.4}$$

Gambar 4.1 dapat dirumuskan menggunakan model matematika dan hasilnya adalah satu sistem persamaan diferensial biasa (*Ordinary Differential Equation*, ODE) yang tidak linear sebagaimana persamaan (4.5) (Murray, 2001).

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -e S I, \\ \frac{dI}{dt} &= e S I - k I, \\ \frac{dR}{dt} &= k I. \end{aligned} \tag{4.5}$$

### 4.3 Pembentukan Model SIR

Perubahan yang terjadi pada setiap grup manusia dan nyamuk dapat ditafsirkan dalam bentuk Gambar 4.2. (Soewono, 2006)



Gambar 4.2 Gambar skema populasi manusia dan vektor model SIR.

Untuk membuat pemodelan tentang interaksi *Host-Vector* berdasarkan perumpamaan pada faktor yang mempengaruhi laju perubahan jumlah *host* yang rentan terhadap waktu yang merupakan jumlah kelahiran populasi *host* yaitu  $\mu_h N_h$ , jumlah



*host* yang telah terinfeksi yaitu  $\frac{b\beta_h}{N_h} I_v S_h$  dengan  $b\beta_h$  adalah kadar hubungan yang meliputi manusia kepada vektor dengan mengandaikan kemungkinan penularan dari individu yang telah ditulari nyamuk yang rentan,  $\beta_h$  dan rata-rata gigitan nyamuk yang *suspect*,  $b$ . Juga kematian dari *host* yang rentan yaitu  $\mu_h S_h$  pada waktu yang sama dapat ditafsirkan sebagaimana persamaan (4.6).

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h. \quad (4.6)$$

Demikian juga laju perubahan jumlah *host* yang tertular terhadap waktu bergantung kepada jumlah populasi *host* yang telah tertular, jumlah kematian populasi *host* yang tertular  $\mu_h I_h$  dan jumlah populasi *host* yang sembuh daripada penularan yaitu  $\gamma_h I_h$  dalam waktu yang sama dapat dituliskan seperti persamaan (4.7)

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h. \quad (4.7)$$

Jumlah populasi *host* yang sehat kembali,  $R_h$  juga akan mengalami perubahan sesuai perubahan waktu. Laju perubahan jumlah populasi *host* yang pulih terhadap waktu adalah selisih dari jumlah *host* yang telah sembuh dari penularan  $\gamma_h I_h$  dengan jumlah kematian pada *host* yang sehat kembali,  $\mu_h R_h$  pada waktu yang sama dituliskan dalam persamaan (4.8).

$$\frac{d}{dt} R_h = \gamma_h I_h - \mu_h R_h. \quad (4.8)$$

Laju perubahan jumlah populasi nyamuk yang rentan terhadap waktu adalah selisih dari jumlah kelahiran populasi nyamuk yaitu  $\mu_v N_v$  terhadap jumlah populasi nyamuk yang telah tertular yaitu  $\frac{b\beta_v}{N_h} I_h S_v$  dengan  $b\beta_v$  adalah laju hubungan yang meliputi dari vektor kepada manusia dengan mengandaikan kemungkinan penjangkitan dari nyamuk yang telah dijangkiti kepada manusia yang berpotensi untuk ditulari virus,  $\beta_v$ , dan rata-rata gigitan nyamuk yang telah ditulari,  $b$ . Juga jumlah kematian dari populasi nyamuk yang rentan yaitu  $\mu_v S_v$  pada waktu yang sama ditafsirkan dalam persamaan (4.9)

$$\frac{d}{dt} S_v = \mu_v N_v - \frac{b\beta_v}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v. \quad (4.9)$$

Sedangkan laju perubahan jumlah populasi nyamuk yang terjangkiti terhadap waktu yaitu selisih dari jumlah nyamuk yang telah terjangkiti yaitu  $\frac{b\beta_v}{N_h} I_h S_v$  terhadap jumlah kematian populasi nyamuk yang terjangkiti yaitu  $\gamma_v I_v$  pada waktu yang sama juga ditafsirkan ke dalam persamaan (4.10).

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v. \quad (4.10)$$

Gambar 4.2 juga dapat ditafsirkan dalam bentuk model matematika yaitu model interaksi *Host-Vektor* yang merupakan persamaan differensial tidak linear sebagaimana persamaan (4.11)-(4.17).



Populasi manusia

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h, \quad (4.11)$$

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h, \quad (4.12)$$

$$\frac{d}{dt} R_h = \gamma_h I_h - \mu_h R_h. \quad (4.13)$$

Populasi vektor

$$\frac{d}{dt} S_v = \mu_v N_v - \frac{b\beta_v}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v, \quad (4.14)$$

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v, \quad (4.15)$$

dengan syarat,

$$S_h + I_h + R_h = N_h \Rightarrow R_h = N_h - S_h - I_h, \quad (4.16)$$

$$S_v + I_v = N_v = \frac{A}{\mu_v} \Rightarrow S_v = N_v - I_v = \frac{A}{\mu_v} - I_v. \quad (4.17)$$

Karena itu, model populasi manusia dan nyamuk dapat disederhanakan sebagaimana persamaan (4.18)-(4.20).

$$\frac{d}{dt} S_h = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h, \quad (4.18)$$

$$\frac{d}{dt} I_h = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h, \quad (4.19)$$

$$\frac{d}{dt} I_v = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v. \quad (4.20)$$

Model yang dihasilkan dapat disederhanakan dengan mengandaikan pecahan-pecahan pada persamaan (4.21).

$$x = \frac{S_h}{N_h}, \quad y = \frac{I_h}{N_h}, \quad \text{dan} \quad z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A/\mu_v}. \quad (4.21)$$

Oleh yang demikian, model populasi antara manusia dengan vektor nyamuk dapat disederhanakan sebagaimana persamaan (4.22)-(4.24).

$$\frac{dx}{dt} = \mu_h (1 - x(t)) - \alpha x(t) z(t), \quad (4.22)$$

$$\frac{dy}{dt} = \alpha x(t) z(t) - \beta y(t), \quad (4.23)$$

$$\frac{dz}{dt} = \gamma (1 - z(t)) y(t) - \delta z(t), \quad (4.24)$$

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

#### 4.4 Pembentukan Model SEIR

Saat ini pencemaran semakin meningkat dan berkelanjutan sehingga 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 diprediksi seperti penyakit demam berdarah. Penyakit demam berdarah di Provinsi Sulawesi Selatan menjadi ancaman serius untuk lebih dari tujuh juta penduduk, ditambah lagi kurangnya kesadaran masyarakat tentang pentingnya kesehatan, sehingga perlu mendapat perhatian dari pihak pemerintah, khususnya kementerian kesehatan (Tribun, 2010). Oleh karena itu, model *host-vector* untuk penularan demam berdarah memerlukan satu tambahan variabel untuk melengkapi model SIR yaitu variabel manusia dan nyamuk yang memperlihatkan gejala tertular.

Sama halnya dengan model SIR, model ini juga mempunyai dua faktor utama yang menyebabkan demam berdarah yaitu nyamuk sebagai vektor dan manusia sebagai *host*. Berbeda dengan model SIR, model SEIR membagi populasi manusia  $N_h$  ke dalam empat variabel yaitu manusia yang berpotensi untuk ditulari virus demam berdarah,  $S_h$ , manusia yang memperlihatkan gejala ditulari virus demam berdarah,  $E_h$ , manusia yang telah ditulari virus demam berdarah,  $I_h$ , dan manusia yang telah sembuh,  $R_h$ . Populasi vektor atau nyamuk,  $N_v$ , dibagi kedalam tiga variabel yaitu nyamuk yang berpotensi untuk ditulari virus demam berdarah,  $S_v$ , nyamuk yang rentan tetapi belum terinfeksi kepada penularan,  $E_v$ , dan nyamuk yang telah ditulari virus demam berdarah,  $I_v$  (Ang & Li, 1999)

Pada model ini diandaikan bahwa terdapat manusia dalam populasi ini yang telah ditulari virus tetapi belum dapat menulari manusia lain, namun mampu menyebabkan terjadinya

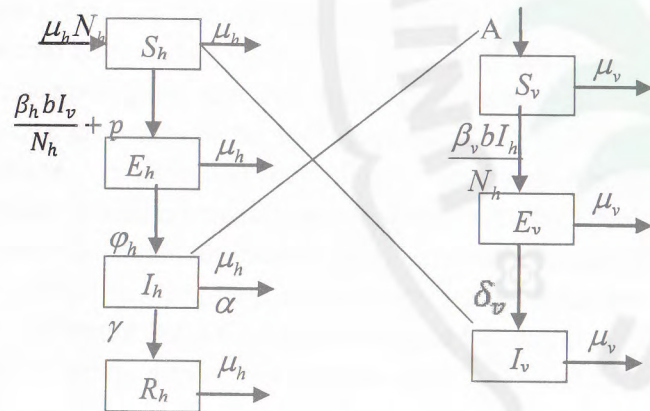
penularan virus. Diandaikan juga bahwa populasi nyamuk adalah konstan. Setiap manusia dan nyamuk dikategorikan dalam satu variabel saja pada satu waktu. Setiap manusia dalam variabel  $S_h$  mempunyai kemungkinan untuk memperlihatkan gejala ditulari virus demam berdarah laju  $\frac{\beta_h b I_v}{N_h} + p \cdot \beta_h b$  adalah laju hubungan dari manusia terhadap vektor dengan mengandaikan kemungkinan penjangkitan dari individu yang telah ditulari kepada nyamuk yang berpotensi untuk ditulari,  $\beta_h$ , jumlah persen untuk nyamuk yang tertular adalah,  $p$  dan rata-rata gigitan nyamuk yang berpotensi untuk ditulari,  $b$ . Sedangkan laju untuk manusia rentan tetapi belum terinfeksi virus demam berdarah  $\varphi_h$ . Apabila manusia telah ditulari dengan virus demam berdarah, mereka akan diberikan perawatan. Dalam model ini diandaikan bahwa setiap manusia yang dirawat akan memperoleh kekebalan sepanjang hidup sehingga tidak ada infeksi kembali. Hal ini disebabkan oleh tidak adanya lagi vaksin spesifik yang dapat melawan virus demam berdarah. Laju manusia yang sembuh dari infeksi virus disebabkan perawatan yang diberikan ataupun jangka waktu infeksi dalam tubuh individu  $\gamma_h$ .

Perubahan variabel  $S_v$  menunjukkan bahwa setiap nyamuk mempunyai kemungkinan untuk memperlihatkan gejala ditulari oleh virus demam berdarah dengan laju  $\frac{\beta_v b I_h}{N_h}$ .  $\beta_v b$  adalah laju hubungan yang memenuhi dari vektor ke manusia dengan mengandaikan kemungkinan penularan dari nyamuk yang telah terinfeksi kepada manusia yang berpotensi untuk terinfeksi virus,  $\beta_v$  dan rata-rata gigitan nyamuk yang telah ditulari,  $b$ . Sedangkan laju nyamuk rentan tetapi



belum terinfeksi kepada penularan virus  $\delta_v$ . Laju untuk setiap variabel manusia dan nyamuk akan berkurang disebabkan kematian secara alami,  $\mu_h$  dan  $\mu_v$ . Untuk variabel manusia yang telah ditulari, terdapat kematian yang disebabkan oleh penyakit demam berdarah itu sendiri dengan laju  $\alpha_h$ .

Perubahan yang terjadi pada setiap variabel manusia dan nyamuk dapat ditafsirkan dalam Gambar 4.3.



Gambar 4.3 Skema populasi manusia dan vektor model SEIR.

Gambar 4.3 juga dapat ditafsirkan ke dalam model matematika sebagaimana sistem persamaan 4.25 dan 4.26.

Populasi manusia

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

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

$$\frac{dI_h}{dt} = \varphi_h E_h - (\mu_h + \gamma_h + \alpha_h) I_h, \tag{4.25}$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma_h I_h - \mu_h R_h.$$

Populasi vektor

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

$$\frac{dE_v}{dt} = \frac{\beta_v b I_h}{N_h} S_v - (\mu_v + \delta_v) E_v, \tag{4.26}$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \delta_v E_v - \mu_v I_v,$$

dengan syarat,

$$N_h = S_h + E_h + I_h + R_h \Rightarrow R_h = N_h - S_h - E_h - I_h, \tag{4.27}$$

$$N_v = \frac{A}{\mu_v} = S_v + E_v + I_v \Rightarrow S_v = \frac{A}{\mu_v} - E_v - I_v. \tag{4.28}$$

Oleh karena itu, model untuk populasi manusia dan nyamuk dapat disederhanakan sebagaimana sistem persamaan (4.29).

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

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

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

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

$$\frac{dI_v}{dt} = \delta_v E_v - \mu_v I_v. \quad (4.29)$$

Model yang dihasilkan dapat disederhanakan dengan mengandaikan pecahan-pecahan seperti persamaan (4.30).

$$x = \frac{S_h}{N_h}, u = \frac{E_h}{N_h}, y = \frac{I_h}{N_h}, w = \frac{E_v}{N_v} \text{ dan } z = \frac{I_v}{N_v} = \frac{I_v}{A/\mu_v}. \quad (4.30)$$

Oleh karena itu, model untuk populasi manusia dan nyamuk dapat disederhanakan seperti sistem persamaan (4.31).

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

$$\frac{du}{dt} = (\alpha z + p)x - (\mu_h + \varphi_h)u,$$

$$\frac{dy}{dt} = \varphi_h u - (\mu_h + \gamma_h + \alpha_h)y,$$

$$\frac{dw}{dt} = \gamma_v (1 - z - w)y - (\mu_v + \delta_v)w,$$

$$\frac{dz}{dt} = \delta_v w - \mu_v z. \quad (4.31)$$

#### 4.5 Metode Perturbation Homotopi (MPH)

Pada pemodelan matematika SIR dan SEIR, ada dua metode numerik semi analitik yang akan digunakan untuk menyelesaikan model SIR untuk Sulawesi Selatan. Kemudian, kedua penyelesaian akan dibandingkan untuk melihat, metode yang mana lebih akurat. Untuk memahami dasar dari kedua

metode, model dipertimbangkan sebagai sistem persamaan differensial biasa order pertama secara umum yang dapat ditulis seperti persamaan (4.32):

$$\begin{aligned} \frac{du_1}{dt} + g_1(t, u_1, u_2, \dots, u_m) &= f_1(t), \\ \frac{du_2}{dt} + g_2(t, u_1, u_2, \dots, u_m) &= f_2(t), \\ &\vdots \\ \frac{du_m}{dt} + g_m(t, u_1, u_2, \dots, u_m) &= f_m, \end{aligned} \quad (4.32)$$

memenuhi kondisi awal

$$u_1(t_0) = c_1, u_2(t_0) = c_2, \dots, u_m(t_0) = c_m. \quad (4.33)$$

Sistem persamaan (4.32). mengikuti bentuk operator berikut:

$$\begin{aligned} L(u_1) + N_1(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_1(t) &= 0, \\ L(u_2) + N_2(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_2(t) &= 0, \\ &\vdots \\ L(u_m) + N_m(u_1, u_2, \dots, u_m) - f_m(t) &= 0, \end{aligned} \quad (4.34)$$

Dengan  $L = d/dt$  adalah operator linear dan  $N_1, N_2, \dots, N_m$  adalah operator nonlinear.

Untuk menyelesaikan model SIR dan SEIR menggunakan MPH, pertama, sistem persamaan differensial dapat dibentuk yang memenuhi hubungan seperti persamaan (4.35) berikut:



$$Du_i(t) = L_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + N_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + g_i(t), \quad (4.35)$$

dimana  $L_i$  adalah operator linier,  $N_i$  adalah operator nonlinear dan  $g_i$  adalah fungsi analitik yang tidak diketahui. Dalam pandangan teknik perturbasi homotopy, dibangun bentuk homotopi:

$$Du_i(t) = p[L_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + N_i(t, u_1, u_2, \dots, u_n) + g_i(t)], \quad 1 \leq i \leq n, \quad (4.36)$$

dimana  $p$  adalah parameter terbenam yang bertukar dari nol ke uniti. Jika  $p = 0$ , persamaan (4.36) menjadi persamaan linier dan  $v_1, v_2, \dots, v_m$  adalah aprosimasi awal yang memenuhi kondisi yang diberikan dalam (4.35). Ini jelas bahwa parameter perturbasi  $p = 0$ , persamaan (4.36) menjadi sistem persamaan linear dan ketika  $p = 1$  diperoleh sistem persamaan nonlinear. Misalkan pendekatan awal ditulis seperti persamaan (4.37) dan (4.38) berikut:

$$\begin{aligned} u_{1,0}(t) &= v_1(t) = u_1(t_0) = c_1, \\ u_{2,0}(t) &= v_2(t) = u_2(t_0) = c_2, \\ &\vdots \\ u_{m,0}(t) &= v_m(t) = u_m(t_0) = c_m. \end{aligned} \quad (4.37)$$

dan

$$\begin{aligned} u_1(t) &= u_{1,0}(t) + pu_{1,1}(t) + p^2u_{1,2}(t) + \dots, \\ u_2(t) &= u_{2,0}(t) + pu_{2,1}(t) + p^2u_{2,2}(t) + \dots, \\ &\vdots \\ u_m(t) &= u_{m,0}(t) + pu_{m,1}(t) + p^2u_{m,2}(t) + \dots, \end{aligned} \quad (4.38)$$

dimana  $u_{i,j}$  ( $i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots$ ) adalah fungsi yang ditentukan dengan mensubstitusi persamaan (4.37) ke persamaan (4.38) dan penyusunan koefisien dari pangkat  $p$ , diperoleh

$$\begin{aligned} L(u_{1,1}) + L(v_1) + N_1(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_1 &= 0, \quad u_{1,1}(t_0) = 0, \\ L(u_{2,1}) + L(v_2) + N_2(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_2 &= 0, \quad u_{2,1}(t_0) = 0, \\ &\vdots \\ L(u_{m,1}) + L(v_m) + N_m(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_m &= 0, \quad u_{m,1}(t_0) = 0, \end{aligned} \quad (4.39)$$

Kemudian

$$\begin{aligned} L(u_{1,2}) + N_1(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_1 &= 0, \quad u_{1,2}(t_0) = 0, \\ L(u_{2,2}) + N_2(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_2 &= 0, \quad u_{2,2}(t_0) = 0, \\ &\vdots \\ L(u_{m,2}) + N_m(u_{1,0}, u_{2,0}, \dots, u_{m,0}) - f_m &= 0, \quad u_{m,2}(t_0) = 0, \end{aligned} \quad (4.40)$$

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

$$L^{-1}(\cdot) = \int_0^t (\cdot) dt. \quad (4.41)$$

Oleh karena itu, menurut MPH, aproksimasi term ke- $n$  untuk penyelesaian persamaan (4.39) dan persamaan (4.40) dapat diekspresikan oleh persamaan (4.42).



$$\begin{aligned}
\phi_{1,n}(t) &= u_1(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_1(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{1,k}(t), \\
\phi_{2,n}(t) &= u_2(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_2(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{2,k}(t), \\
&\vdots \\
\phi_{m,n}(t) &= u_m(t) = \lim_{p \rightarrow 1} u_m(t) = \sum_{k=0}^{n-1} u_{m,k}(t). \quad (4.42)
\end{aligned}$$

#### 4.6 Metode Iterasi Variasi (MIV)

Metode iterasi variasi (MIV) pertama kali 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 konsep dasar dari MIV, pertama dipertimbangkan bentuk persamaan diferensial seperti persamaan (4.43) berikut:

$$Lu + Nu = g(t), \quad (4.43)$$

dimana  $L$  adalah operator linier,  $N$  adalah operator tak linier dan  $g(t)$  adalah term tak homogen. Menurut MIV, bisa di bentuk suatu fungsi pembedaan sebagai persamaan (4.44) berikut:

$$u_{i,n+1} = u_{i,n} + \int_0^i \lambda(s) [Lu_{i,n} + N\tilde{u}_{i,n} - g(t)] ds, \quad (4.44)$$

dimana  $\lambda_i$ ,  $i = 1, 2, \dots, n$  adalah pekali Lagrange [Inokuti, dkk, 1978] yang dapat diidentifikasi menggunakan teori variasi (Finlayson, (1972)),  $n$  dinotasikan sebagai aproksimasi ke- $n$  dan  $\tilde{u}_{i,n}(s)$  dipertimbangkan sebagai varias terksekat yaitu  $\delta \tilde{u}_{i,n}(s) = 0$ . Skema iterasi dalam persamaan (4.44) akan mendekati penyelesaian eksak untuk  $n$  yang sangat besar yaitu:

$$u(t) = \lim_{n \rightarrow \infty} u_{i,n}(t). \quad (4.45)$$

#### 4.7 Metode Analisis Homotopi (MAH)

Dipertimbangkan persamaan diferensial seperti persamaan (4.46) berikut:

$$N_i[z_i(t)] = 0, \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (4.46)$$

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 (2003) membangun yang disebut persamaan deformasi order nol pada persamaan (4.47)

$$(1 - q)L[\phi_i(t; q) - z_{i,0}(t)] = q\hbar_i N_i[\phi_i(t; q)], \quad (4.47)$$

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 bisa memilih secara bebas objek tambahan seperti  $\hbar_i$  dan  $L$  dalam MAH. Jelasnya, ketika  $q = 0$  dan  $q = 1$  kedua-duanya yaitu



#### 4.8 Metode Dekomposisi Adomian Multi-stage (MDAM)

Untuk menggunakan Metode dekomposisi Adomian multistage (MDAM), pertama kali, dipertimbangkan sistem persamaan diferensial order satu secara umum diberikan oleh persamaan (4.57) berikut:

$$u_i' = \sum_{j=1}^n a_{ij} u_j + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} u_p u_q, \quad (4.57)$$

dengan syarat nilai awal

$$u_i(t_0) = c_i \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (4.58)$$

dimana prime menyatakan turunan terhadap waktu  $t$ . Jika defenisikan bentuk linier sebagai  $R$  dan bentuk taklinier sebagai  $N$ , pada sistem persamaan di atas maka bentuk operator

$$Lu_i = Ru_i + Nu_i, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (4.59)$$

dimana  $L$  adalah operator  $d(\cdot)/dt$ .

Dalam pembentukan bentuk standar yang dianjurkan oleh Adomian (1989), dan prosedur biasa digunakan.

Dalam kenyataannya, penggunaan operator integral  $L^{-1}$  pada persamaan (4.59) menghasilkan persamaan (4.60) berikut:

$$u_i(t) = u_i(t=0) + L^{-1}Ru_i + L^{-1}Nu_i. \quad (4.60)$$

Dengan asumsi sistem persamaan umum dalam persamaan (4.57) 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 seperti persamaan (4.61)

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) \quad \forall i = 1, 2, \dots, n. \quad (4.61)$$

Sistem (4.57) dapat ditulis kembali menjadi skema Adomian sebagai bentuk berikut

$$Ru_i(t) = \sum_{i=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} u_{ir}(t). \quad (4.62)$$

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

$$L^{-1}Ru_i(t) = \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{ir}(s) ds. \quad (4.63)$$

Sedangkan, bentuk taklinier  $Nu_i$  dikomposisikan sebagai

$$Nu_i(t) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \sum_{r=0}^{\infty} A_{ir,p,q}(t), \quad (4.64)$$

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

$$A_{ir,p,q} = \frac{1}{r!} \frac{d^r}{d\lambda^r} \left[ M \left( \sum_{k=0}^{\infty} \lambda^k u_{kp}, \sum_{k=0}^{\infty} \lambda^k u_{kq} \right) \right]_{\lambda=0}, \quad (4.65)$$



dimana  $M(x, y) = xy$  untuk tiap  $m = 0, 1, 2, \dots$ . Tambahan lagi  $L^{-1}Nu_i$  diberikan oleh persamaan (4.66) berikut:

$$L^{-1}Nu_i(t) = \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \sum_{r=0}^{\infty} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds. \quad (4.66)$$

Substitusi persamaan (4.61), (4.63) dan (4.66) ke dalam persamaan (4.60) menghasilkan persamaan (4.67) berikut:

$$\sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) = u_i(t=0) + \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{jr}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds, \quad (4.67)$$

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

$$u_{i0} = u_i(t=0), \quad (4.68)$$

$$u_{i1} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{j0}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i0,p,q}(s) ds, \quad (4.69)$$

$$u_{i2} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{j1}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i1,p,q}(s) ds, \quad (4.70)$$

⋮

$$u_{i(r+1)} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{jr}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds, \quad (4.71)$$

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

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} d_{ir} \frac{(t)^r}{r!}, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (4.72)$$

dimana koefisien  $d_{ir}$  diberikan oleh

$$d_{i0} = u_i(t=0), \quad (4.73)$$

$$d_{ir} = \sum_{j=1}^n a_{ij} d_{j(r-1)} + (r-1)! \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n \sum_{k=0}^{r-1} a_{ipq} \frac{d_{qk}}{k!} \frac{d_{p(r-k-1)}}{k!(r-k-1)!}, r \geq 1. \quad (4.74)$$

MDA dibentuk sebagai algoritma untuk aproksimasi respon dinamik 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 dkk (2007). Rumus dapat ditulis sebagai

$$\sum_{r=0}^{\infty} u_{ir}(t) = u_i(t^*) + \sum_{j=1}^n \sum_{r=0}^{\infty} a_{ij} \int_0^t u_{jr}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds. \quad (4.75)$$

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

$$u_{i0} = u_i(t^*), \quad (4.76)$$

$$u_{i1} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{j0}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i0,p,q}(s) ds, \quad (4.77)$$

$$u_{i2} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{j1}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{i1,p,q}(s) ds, \quad (4.78)$$

⋮

$$u_{i(r+1)} = \sum_{j=1}^n a_{ij} \int_0^t u_{jr}(s) ds + \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n a_{i,pq} \int_0^t A_{ir,p,q}(s) ds, \quad (4.79)$$



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

$$u_i(t) = \sum_{r=0}^{\infty} d_{ir} \frac{(t-t^*)^r}{r!}, \quad \forall i = 1, 2, \dots, n, \quad (4.80)$$

dimana koefisien  $d_{ir}$  diberikan oleh:

$$d_{ir} = \sum_{j=1}^n a_{ij} d_{j(r-1)} + (r-1)! \sum_{p=1}^n \sum_{q=1}^n \sum_{k=0}^{r-1} a_{ipq} \frac{d_{qk}}{k!} \frac{d_{p(r-k-1)}}{k!(r-k-1)!}, r \geq 1. \quad (4.81)$$

Untuk komputasi, jumlah term terhingga dalam (4.79) digunakan dalam prosedur yang diperlihatkan.

## BAB V

### ANALISIS MODEL SIR DAN SEIR

Bab ini menjelaskan analisis model matematika SIR dan SEIR yang telah dibahas pada Bab IV. Analisis yang digunakan adalah metode fungsi Lyapunov yang menguraikan eksistensi penyalit demam berdarah dengue (DBD) di suatu kawasan, kemudian mengidentifikasi status suatu kawasan, apakah merupakan kawasan dengan status epidemik atau Kejadian Luar Biasa (KLB) atau status yang tidak mengkhawatirkan. Bagian selanjutnya akan menguraikan aplikasi metode MPH, MTV, MAH dan MDAM dalam penyelesaian numerik model matematika SIR. Pada bab berikutnya kedua model akan digunakan untuk kasus DBD di Sulawesi Selatan.

#### 5.1. Analisis Kestabilan Model SIR dan Model SEIR

##### 5.1.1 Eksistensi model SIR

Perubahan yang terjadi dalam setiap populasi manusia dan nyamuk dapat ditafsirkan sebagai model matematika