

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Hasil

4.1.1 Model Penyakit *Dengue*

Dalam model penyakit *dengue* populasi manusia dibagi 3 kelas, yaitu kelas rentan/*susceptible* (S_h) yang menyatakan kelas individu yang belum terjangkit penyakit *dengue* dan berpotensi terkena penyakit tersebut, kelas terinfeksi/*infectious* (I_h) yang menyatakan kelas individu yang terinfeksi oleh virus *dengue* dan memiliki kemampuan menularkan virus *dengue* tersebut kepada vector penular nyamuk, kelas sembuh/*recovery* (R_h) yang menyatakan kelas individu yang telah sembuh dari infeksi virus. Populasi nyamuk dibagi menjadi dua kelas, yaitu kelas rentan (S_v) dan kelas terinfeksi (I_v).

Misalkan $S_h(t)$; $I_h(t)$; dan $R_h(t)$ masing-masing menyatakan jumlah manusia rentan terhadap infeksi virus pada saat t , jumlah manusia yang terinfeksi virus pada saat t , jumlah manusia yang sembuh dari infeksi virus pada saat t . Lebih lanjut, dimisalkan $N_h(t)$ menyatakan jumlah populasi manusia pada saat t maka berlaku hubungan berikut:

$$S_h(t) + I_h(t) + R_h(t) = N_h(t)$$

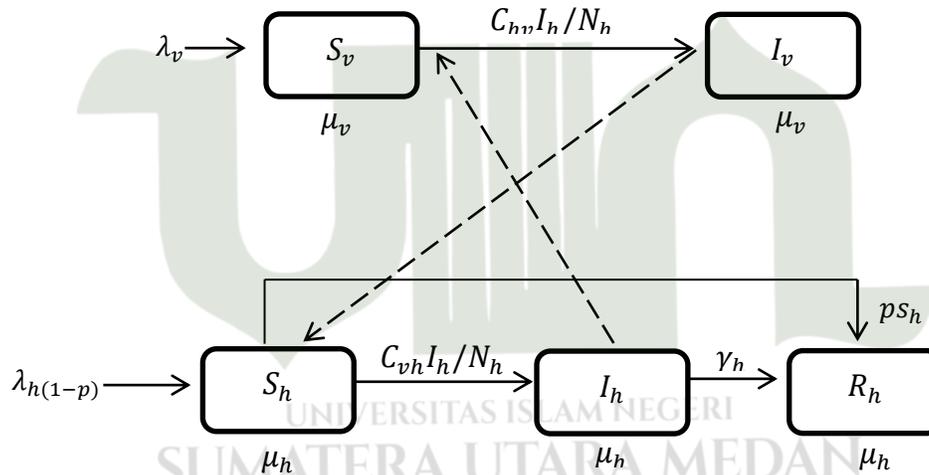
Selanjutnya misalkan S_v dan I_v masing-masing menyatakan jumlah nyamuk yang rentan terhadap infeksi virus pada saat t dan jumlah nyamuk yang terinfeksi virus *dengue* pada saat t , dimisalkan $N_v(t)$ menyatakan jumlah populasi nyamuk yang menjadi vector penular virus *dengue* strain pertama pada saat t , berlaku hubungan $S_v(t) + I_v(t) = N_v(t)$.

Ada beberapa asumsi yang digunakan dalam pembentukan model yaitu total populasi manusia dan nyamuk dianggap konstan, laju kelahiran dan laju kematian manusia dianggap sama, kelahiran pada populasi nyamuk dan manusia pada setiap kelas masuk kedalam kelas rentan, setiap individu yang terdapat dalam populasi memiliki kemungkinan yang sama untuk tergigit nyamuk, tingkat gigitan nyamuk terinfeksi lebih tinggi daripada nyamuk rentan. Parameter yang digunakan dalam pembuatan model penyebaran

penyakit *dengue* ini adalah sebagai berikut: N_h menyatakan jumlah populasi manusia, N_v menyatakan jumlah populasi nyamuk, μ_h menyatakan angka kematian manusia, μ_v menyatakan angka kematian nyamuk, λ_h menyatakan Laju kelahiran manusia, λ_v menyatakan Laju kelahiran nyamuk, p menyatakan fraksi acak bebas vaksin, $C_{hv}I_h/N_h$ adalah laju perubahan S_v menjadi I_v , $C_{vh}I_h/N_h$ adalah laju perubahan S_h menjadi I_h .

4.1.2 Formulasi Model SIR Epidemik DBD dengan Pengaruh Vaksin

Dari masalah penyebaran penyakit *dengue* yang telah dipaparkan sebelumnya, dapat dibuat kompartemen model SIR epidemik DBD dengan pengaruh vaksin yaitu:



Gambar 4.1 Kompartemen Model SIR dengan pengaruh vaksin

Dari bagan diatas dapat dibentuk formulasi untuk model SIR penyebaran penyakit DBD, yaitu sebagai berikut:

Model Matematika Populasi Manusia

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h(1-p)N_h - \left[\frac{C_{vh}I_v}{N_h} + p + \mu_h \right] S_h \quad (4.1)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \frac{C_{vh}I_v}{N_h} S_h - (\gamma_h + \mu_h) I_h \quad (4.2)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = pS_h + \gamma_h I_h - \mu_h R_h \quad (4.3)$$

Model matematika Populasi Nyamuk

$$\frac{dS_v}{dt} = \mu_v N_v - \left[\frac{C_{hv} I_h}{N_h} + \mu_v \right] S_v \quad (4.4)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{C_{hv} I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v \quad (4.5)$$

Keterangan :

S_v : Populasi nyamuk yang rentan terinfeksi

I_v : Populasi nyamuk yang terinfeksi

S_h : Populasi manusia yang rentan terinfeksi

I_h : Populasi manusia yang terinfeksi

R_h : Populasi manusia yang sembuh

N_h : Total populasi manusia

N_v : Total populasi nyamuk

λ_h : Laju kelahiran manusia

λ_v : Laju kelahiran nyamuk

μ_h : Laju kematian manusia

μ_v : Laju kematian nyamuk

p : Fraksi acak manusia rentan vaksin

γ_h : Proporsi perpindahan manusia terinfeksi ke manusia sembuh

C_{hv} : Peluang terjadinya kontak antara nyamuk rentan dengan manusia terinfeksi

C_{vh} : Peluang terjadinya kontak antara nyamuk terinfeksi dengan manusia rentan

4.1.3 Studi Kasus Model Epidemik DBD

Pada model epidemik SIR DBD digunakan dua populasi yaitu populasi manusia dan populasi nyamuk *Aedes aegypti* sehingga dapat dilakukan suatu estimasi parameter pada setiap populasi.

a. Populasi Manusia

Laju kelahiran manusia atau λ_h dapat dihitung berdasarkan jumlah bayi yang lahir per unit waktu. Jumlah bayi yang lahir dikota Medan pada tahun 2021 yaitu 37.889 bayi. Jadi rata-rata kelahiran bayi perbulan ialah 3.157 bayi.

Pengaruh kematian akibat DBD pada model epidemik ini diabaikan karena jumlah kematian cenderung menurun. μ_h atau laju kematian alami manusia dapat dihitung berdasarkan angka harapan hidup Kota Medan. Menurut data dari Badan Pusat Statistik Kota Medan, angka harapan hidup Kota Medan adalah 73 tahun. Jadi laju kematian alami manusia adalah $\mu_h = \frac{1}{\text{angka harapan hidup}} = \frac{1}{73 \text{ tahun}} = \frac{1}{876 \text{ bulan}} = 0,00114/\text{bulan}$.

Proporsi perpindahan manusia rentan ke manusia terinfeksi dipengaruhi oleh peluang kontak antara nyamuk terinfeksi dan manusia rentan (C_{hv}). Nilai peluang ini ialah perkalian antara peluang transmisi virus dari nyamuk terinfeksi ke manusia rentan (p_{vh}) dengan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi (b_i). Jadi $C_{hv} = p_{vh} b_i$. Jumlah gigitan nyamuk terinfeksi perhari adalah 1 gigitan atau 30 gigitan perbulan, sedangkan jumlah gigitan nyamuk rentan perhari ialah 0,5 gigitan atau 15 gigitan perbulan. Peluang transmisi virus dari nyamuk ke manusia (p_{vh}) dan dari manusia ke nyamuk (p_{hv}) ialah 0,75. Dengan kontak antara nyamuk rentan dengan manusia terinfeksi (c_{hv}) adalah 22,5 dan kontak rentan nyamuk terinfeksi dengan manusia rentan (c_{vh}) adalah 11,25 ((Derouich et al., 2003)

Pada tahun 2021 jumlah penduduk Kota Medan yang sembuh dari penyakit DBD sebanyak 1.582 jiwa. Jadi $R = 1.582$ jiwa. Rata-rata masa infektivitas untuk penyakit DBD pada manusia adalah 4 hari = 0,133/bulan. Sehingga proporsi perpindahan manusia terinfeksi ke manusia yang sembuh $\gamma_h = \frac{1}{\text{masa infektivitas}} = \frac{1}{0,133 \text{ bulan}} = 7,52/\text{bulan}$. N_v merupakan jumlah populasi nyamuk *Aedes aegypti* di Kota Medan. Data mengenai jumlah nyamuk tidak tersedia, sehingga diasumsikan jumlah larva nyamuk *Aedes*

aegypti di Kota Medan pada tahun 2021 sekitar 30 ekor. Jadi jumlah nyamuk *Aedes aegypti* ialah

$$\begin{aligned} N_v &= \text{jumlah larva (bulan)} \times \text{jumlah kecamatan} \times \text{jumlah bulan} \\ &= 30 \text{ ekor} \times 21 \times 12 \text{ bulan} \\ &= 7.560 \text{ ekor} \end{aligned}$$

Jadi probabilitas penularan dari nyamuk *infected* ke manusia $\beta_{vh} =$

$$\frac{R_h}{N_v \times D_h} = \frac{1.582}{7.560 \times 0,133 \text{ bulan}} = 1,573/\text{bulan}.$$

b. Populasi Nyamuk

Nyamuk *Aedes aegypti* betina merupakan vektor utama penyebab DBD karena hanya nyamuk betina yang menggigit dan menghisap darah serta memilih darah manusia untuk mematangkan telurnya. Sedangkan nyamuk jantan tidak bisa menggigit dan hidup dari sari bunga tumbuh-tumbuhan. Rata-rata umur nyamuk *Aedes aegypti* adalah 45 hari (Setyawan, 2011). Diasumsikan bahwa jumlah rata-rata larva 30 perbulannya dan ada 21 kecamatan di Kota Medan sehingga jumlah larva nyamuk *Aedes aegypti* di Kota Medan diasumsikan sebanyak 630 ekor perbulan. Laju kematian pada nyamuk μ_v dapat diketahui dari angka harapan hidup nyamuk tersebut. Laju kematian nyamuk

$$\mu_v = \frac{1}{\text{angka harapan hidup}} = \frac{1}{45 \text{ hari}} = \frac{1}{1,5 \text{ bulan}} = 0,67/\text{bulan}.$$

Data populasi nyamuk *Aedes aegypti* yang terinfeksi DBD tidak tersedia sehingga diasumsikan jumlah nyamuk *Aedes aegypti* yang terinfeksi di Kota Medan tahun 2021 ialah 200 ekor. Asumsi ini didasarkan pada *landing rate* sebesar 0,2 nyamuk betina dewasa *per man hour* (soedarmo, 1983). Menurut Setyawan (2011), dalam sehari ada 142 nyamuk yang menggigit manusia. Dengan mempertimbangkan aspek kematian alami dan dimangsa predator, maka diasumsikan jumlah nyamuk yang menggigit manusia adalah 200 ekor. Jadi $R_v = 200$ ekor. Periode infektivitas maksimal untuk nyamuk adalah 26 hari atau 0,866 bulan. Jumlah populasi manusia di Kota Medan adalah

2.460.858 jiwa atau $N_h = 2.460.858$ jiwa. Jadi probabilitas penularan dari manusia *infected* ke nyamuk $\beta_{hv} = \frac{R_v}{N_h \times D_v} = \frac{200}{2.460.858 \times 0,866 \text{ bulan}} = 0,000094/\text{bulan}$.

Sehingga model epidemik SIR DBD Kota Medan dapat ditulis dengan mensubstitusikan parameter-parameter yang ada kedalam persamaan (4.1) – (4.5), sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= 0,00114 \times (1 - 0,75) \times 2.460.858 \\ &\quad - \left[\frac{11,25I_v}{2.460.858} + 0,75 + 0,00114 \right] S_h \frac{dI_h}{dt} \\ &= \frac{11,25I_v}{2.460.858} S_h - (7,52 + 0,00114)I_h \end{aligned}$$

$$\frac{dR_h}{dt} = 0,75S_h + 7,52I_h - 0,00114R_h$$

$$\frac{dS_v}{dt} = 0,67 \times 7.560 - \left[\frac{22,5I_h}{2.460.858} + 0,67 \right] S_v$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{22,5I_h}{2.460.858} S_v - 0,67I_v$$

Dengan $S_h(0) = 2.458.596, I_h(0) = 2.262, R_h(0) = 1.582$

$S_v(0) = 6.930, I_v(0) = 630$

4.1.4 Titik Keseimbangan Model Epidemik DBD

Dalam pemodelan matematika penyebaran suatu penyakit, untuk mengetahui penyakit itu menular atau tidak dilakukan dengan mencari titik keseimbangan. Titik kesetimbangan terbagi menjadi 2 yaitu, titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemic. Titik kesetimbangan dari suatu penyakit DBD diperoleh pada saat *steady state* atau jika $\frac{dS_h}{dt} = 0, \frac{dI_h}{dt} = 0, \frac{dS_v}{dt} = 0, \frac{dI_v}{dt} = 0$. Titik kesetimbangan bebas penyakit diperoleh jika $I_h = 0$ dan $I_v = 0$, sedangkan titik kesetimbangan endemic diperoleh jika $I_h \neq 0$ dan $I_v \neq 0$.

a. Titik Keseimbangan Bebas Penyakit Model Epidemik DBD

Titik keseimbangan bebas penyakit adalah suatu kondisi ketika sudah tidak ada lagi penyakit yang menyerang seseorang atau tidak ada individu yang terserang penyakit. Jika $I_v = 0$ maka semua nyamuk masuk populasi *susceptible* dan tidak ada nyamuk yang terinfeksi. Artinya tidak ada nyamuk yang dapat menularkan penyakit. Jika $I_h = 0$ maka semua manusia masuk kepopulasi *susceptible* dan *recovered* serta tidak ada manusia yang terinfeksi dan tidak ada manusia yang menularkan penyakit.

Untuk $\frac{dS_v}{dt} = 0$ didapat

$$\mu_v N_v - \left(\frac{c_{hv} I_h}{N_h} + \mu_v \right) S_v = 0$$

$$\mu_v N_v - \left(\frac{c_{hv} 0}{N_h} + \mu_v \right) S_v = 0$$

$$\mu_v N_v - \mu_v S_v = 0$$

$$\mu_v N_v = \mu_v S_v$$

$$S_v = N_v$$

Untuk $\frac{dS_h}{dt} = 0$ didapat

$$\mu_h (1 - p) N_h - \left(\frac{c_{vh} I_v}{N_h} + p + \mu_h \right) S_h = 0$$

$$\mu_h (1 - p) N_h - \left(\frac{c_{vh} 0}{N_h} + p + \mu_h \right) S_h = 0$$

$$\mu_h (1 - p) N_h - (p + \mu_h) S_h = 0$$

$$(p + \mu_h) S_h = \mu_h (1 - p) N_h$$

$$S_h = \frac{\mu_h (1 - p) N_h}{p + \mu_h}$$

Sehingga diperoleh titik keseimbangan bebas penyakit dari model epidemik DBD adalah $E_0 = (S_{v0}, I_{v0}, S_{h0}, I_{h0}) = \left(N_v, 0, \frac{\mu_h (1 - p) N_h}{p + \mu_h}, 0 \right)$.

Dengan $S_v = N_v$ dan juga $S_h = \frac{\mu_h (1 - p) N_h}{p + \mu_h}$ dan I_h, I_v bernilai 0

b. Titik Kesetimbangan Endemik Model Epidemik DBD

Titik kesetimbangan endemik adalah suatu kondisi ketika penyakit selalu ada dan mewabah dalam populasi tersebut, artinya selalu ada individu yang terserang penyakit. Jika $I_v \neq 0$ akan diperoleh ada nyamuk yang terinfeksi DBD dan dapat menyebabkan endemik. Jika $I_h \neq 0$ maka akan diperoleh ada manusia yang terinfeksi dan dapat menularkan penyakit serta menyebabkan endemik. Titik kesetimbangan endemik $E^1 = (S_{v1}, I_{v1}, S_{h1}, I_{h1})$ adalah sebagai berikut:

$$\frac{dS_v}{dt} = 0$$

$$\mu_v N_v - \left(\frac{c_{hv} I_h}{N_h} + \mu_v \right) S_v = 0$$

$$S_v = \frac{\mu_v N_v}{\frac{c_{hv} I_h}{N_h} + \mu_v}$$

$$\frac{dI_v}{dt} = 0$$

$$\frac{c_{hv} I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v = 0$$

$$\mu_v I_v = \frac{c_{hv} I_h}{N_h} S_v$$

$$I_v = \frac{c_{hv} I_h}{N_h \mu_v} S_v$$

$$\frac{dS_h}{dt} = 0$$

$$\mu_h (1 - \rho) N_h - \left(\frac{c_{vh} I_v}{N_h} + \rho + \mu_h \right) S_h = 0$$

$$\left(\frac{c_{vh} I_v}{N_h} + \rho + \mu_h \right) S_h = \mu_h (1 - \rho) N_h$$

$$S_h = \frac{\mu_h (1 - \rho) N_h}{\frac{c_{vh} I_v}{N_h} + \rho + \mu_h}$$

$$\frac{dI_h}{dt} = 0$$

$$\frac{c_{vh}I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \gamma_h)I_h = 0$$

$$(\mu_h + \gamma_h)I_h = \frac{c_{vh}I_v}{N_h} S_h$$

$$I_h = \frac{\frac{c_{vh}I_v}{N_h} S_h}{\mu_h + \gamma_h}$$

$$I_h = \frac{c_{vh}I_v S_h}{N_h(\mu_h + \gamma_h)}$$

Sehingga diperoleh titik endemik DBD adalah sebagai berikut:

$$\left(\frac{\mu_v N_v}{\frac{c_{hv}I_h}{N_h} + \mu_v}, \frac{c_{hv}I_h S_v}{N_h \mu_v}, \frac{\mu_h(1 - \rho)N_h}{\frac{c_{vh}I_v}{N_h} + \rho + \mu_h}, \frac{c_{vh}I_v S_h}{N_h(\mu_h + \gamma_h)} \right)$$

Setelah didapatkan titik endemik DBD di atas maka dapat disimpulkan penyakit tetap masih ada dan terus berkembang. Hal ini didapat bila kita memasukkan nilai-nilai parameternya ke titik endemik yang telah diperoleh.

Analisis Kestabilan Titik Tetap

Setelah diperoleh titik kesetimbangan, lalu akan dilakukan analisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit. Langkah pertama ada linierisasi system persamaan linier yang muncul pada model epidemik DBD. Persamaan-persamaan yang dipakai dalam proses linierisasi yaitu:

$$f(S_v, I_v, S_h, I_h) = \mu_v N_v - \left(\mu_v + \frac{c_{hv}I_h}{N_h} \right) S_v$$

$$g(S_v, I_v, S_h, I_h) = \frac{c_{hv}I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v$$

$$h(S_v, I_v, S_h, I_h) = \mu_h(1 - \rho)N_h - \left(\mu_h + \rho + \frac{c_{vh}I_v}{N_h} \right) S_h$$

$$i(S_v, I_v, S_h, I_h) = \frac{c_{vh}I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \gamma_h)I_h$$

Persamaan-persamaan diatas dilinierisasikan dan hasil linierisasi merupakan matriks Jacobian J .

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f}{\partial S_v} & \frac{\partial f}{\partial I_v} & \frac{\partial f}{\partial S_h} & \frac{\partial f}{\partial I_h} \\ \frac{\partial g}{\partial S_v} & \frac{\partial g}{\partial I_v} & \frac{\partial g}{\partial S_h} & \frac{\partial g}{\partial I_h} \\ \frac{\partial h}{\partial S_v} & \frac{\partial h}{\partial I_v} & \frac{\partial h}{\partial S_h} & \frac{\partial h}{\partial I_h} \\ \frac{\partial i}{\partial S_v} & \frac{\partial i}{\partial I_v} & \frac{\partial i}{\partial S_h} & \frac{\partial i}{\partial I_h} \end{bmatrix}$$

Lalu hasil turunan masing-masing fungsi didistribusikan ke matriks Jacobian J sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} -\left(\mu_v + \frac{C_{hv}I_h}{N_h}\right) & 0 & 0 & -\frac{C_{hv}S_v}{N_h} \\ \frac{C_{hv}I_h}{N_h} & -\mu_v & 0 & \frac{C_{hv}S_v}{N_h} \\ 0 & -\frac{C_{vh}S_h}{N_h} & -\left(\mu_h + p + \frac{C_{vh}I_v}{N_h}\right) & 0 \\ 0 & \frac{C_{vh}S_h}{N_h} & \frac{C_{vh}I_v}{N_h} & -(\mu_h + \gamma_h) \end{bmatrix}$$

Karena titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (S_{v0}, I_{v0}, S_{h0}, I_{h0}) = (N_v, 0, \frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}, 0)$ maka nilai dari titik kesetimbangan penyakit didistribusikan ke matriks Jacobian J sehingga diperoleh:

$$J_0 = \begin{bmatrix} -\mu_v & 0 & 0 & -\frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & -\mu_v & 0 & \frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & \frac{C_{vh} \frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & -(\mu_h + \rho) & 0 \\ 0 & \frac{C_{vh} \frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & 0 & -(\mu_h + \gamma_h) \end{bmatrix}$$

Untuk mencari nilai eigen λ matriks Jacobian yang berukuran 4×4 dituliskan sebagai berikut $(\lambda I - J) = 0$. Dengan I ialah matriks identitas. Supaya λ mempunyai nilai eigen, maka harus ada pemecahan tak nol dari persamaan $(\lambda I - J) = 0$. Persamaan $(\lambda I - J) = 0$ akan memiliki pemecahan tak nol jika dan hanya jika $\det(\lambda I - J) = 0$. Persamaan $\det(\lambda I - J) = 0$ ialah polinom karakteristik J . Persamaan karakteristik untuk matriks Jacobian ialah

$$\text{Det} \left(\lambda \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -\mu_v & 0 & 0 & -\frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & -\mu_v & 0 & \frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & -\frac{C_{vh}\frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & -(\mu_h + \rho) & 0 \\ 0 & \frac{C_{vh}\frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & 0 & -(\mu_h + \gamma_h) \end{bmatrix} \right) = 0$$

$$\text{Det} \left(\begin{bmatrix} \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -\mu_v & 0 & 0 & -\frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & -\mu_v & 0 & \frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & -\frac{C_{vh}\frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & -(\mu_h + \rho) & 0 \\ 0 & \frac{C_{vh}\frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & 0 & -(\mu_h + \gamma_h) \end{bmatrix} \right) = 0$$

$$\text{Det} \begin{bmatrix} \lambda + \mu_v & 0 & 0 & \frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & \lambda + \mu_v & 0 & -\frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & \frac{C_{vh}\frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & \lambda + (\mu_h + \rho) & 0 \\ 0 & -\frac{C_{vh}\frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}}{N_h} & 0 & \lambda + (\mu_h + \gamma_h) \end{bmatrix} = 0$$

Sehingga diperoleh persamaan karakteristiknya adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} & \lambda^4 + \lambda^3(2\mu_h + \gamma_h + 2\mu_v + \rho) \\ & + \lambda^2(\mu_v^2 + \mu_h^2 + 4\mu_h\mu_v + 2\mu_v\gamma_h + \mu_h\gamma_h + p\mu_h + p\gamma_h + 2p\mu_h) \\ & + \lambda(2\mu_h\mu_v\gamma_h + 2p\mu_h\mu_v + 2p\mu_v\gamma_h + 2\mu_h^2\mu_v + 2\mu_h\mu_v^2 + \mu_v^2\gamma_h \\ & + \mu_v^2p) + \mu_v^2\mu_h^2 + \mu_v^2\mu_h\gamma_h + \mu_v^2p\mu_h + \mu_v^2p\gamma_h \end{aligned}$$

Selanjutnya, analisis kestabilan menggunakan kriteria *Routh-Hurwitz*

Misalkan :

$$\begin{aligned} a &= 2\mu_h + \gamma_h + 2\mu_v + \rho \\ b &= \mu_v^2 + \mu_h^2 + 4\mu_h\mu_v + 2\mu_v\gamma_h + \mu_h\gamma_h + p\mu_h + p\gamma_h + 2p\mu_h \\ c &= 2\mu_h\mu_v\gamma_h + 2p\mu_h\mu_v + 2p\mu_v\gamma_h + 2\mu_h^2\mu_v + 2\mu_h\mu_v^2 + \mu_v^2\gamma_h + \mu_v^2p \\ d &= \mu_v^2\mu_h^2 + \mu_v^2\mu_h\gamma_h + \mu_v^2p\mu_h + \mu_v^2p\gamma_h \end{aligned}$$

Sehingga dapat diperoleh table *Routh* sebagai berikut

Tabel 4.1 Tabel *Routh-Hurwitz*

λ^4	1	B	d
λ^3	A	C	0
λ^2	$\frac{ab-c}{a}$	$\frac{ad}{a} = d$	
λ^1	$\frac{\left(\frac{ab-c}{a}\right)c - ad}{\frac{ab-c}{a}} = c - \frac{a^2d}{ab-c}$		
λ^0	D		

Karena semua suku positif maka sistem tersebut stabil, maka syarat perlu dan cukup untuk stabil terpenuhi.

4.1.5 Angka Reproduksi Dasar

Pada model ini, sistem persamaan yang merupakan kelas populasi terinfeksi DBD adalah

$$\frac{dI_h}{dt} = \frac{C_{vh}I_v}{N_h}S_h - (\gamma_h + \mu_h)I_h$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{C_{hv}I_h}{N_h}S_v - \mu_v I_v$$

Untuk mengetahui angka reproduksi dasar harus diketahui terlebih dahulu matriks Φ yang menunjukkan parameter-parameter yang mengakibatkan bertambahnya kelas populasi terinfeksi DBD dan matriks φ yang menunjukkan parameter-parameter yang mengakibatkan berkurangnya kelas terinfeksi DBD. Maka diperoleh :

$$\Phi = \begin{bmatrix} \frac{C_{vh}I_v}{N_h}S_h \\ \frac{C_{hv}I_h}{N_h}S_v \end{bmatrix}$$

$$\varphi = \begin{bmatrix} (\gamma_h + \mu_h)I_h \\ \mu_v I_v \end{bmatrix}$$

Selanjutnya dibentuk matriks *Jacobi* dari Φ dan φ yang didefinisikan sebagai matriks F dan V sebagai berikut:

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \frac{C_{hv}S_v}{N_h} \\ \frac{C_{vh}S_h}{N_h} & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \gamma_h + \mu_h & 0 \\ 0 & \mu_v \end{bmatrix}$$

(Penentuan Matriks *Jacobi* dapat dilihat pada lampiran 3)

Selanjutnya dilakukan substitusi titik kesetimbangan bebas penyakit DBD yaitu $(N_v, 0, \frac{\mu_h(1-p)N_h}{p+\mu_h}, 0)$ pada persamaan sebelumnya diperoleh :

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \gamma_h + \mu_h & 0 \\ 0 & \mu_v \end{bmatrix}$$

Mencari nilai V^{-1} , diperoleh:

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_v} \end{bmatrix}$$

Matriks jacobian adalah matriks yang elemen-elemennya merupakan turunan dari bentuk yang tidak linier jadi matriks jacobian tidak bisa untuk mencari nilai eigen terbesar oleh sebab itu dipakailah matriks *next generation* untuk mencarinya. Berdasarkan persamaan diatas diperoleh bentuk matriks *next generation* sebagai berikut:

$$K = FV^{-1}$$

$$= \begin{bmatrix} 0 & \frac{C_{hv}N_v}{N_h} \\ C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_v} \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} 0 & \frac{C_{hv}N_v\mu_v}{N_h} \\ \frac{C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \end{bmatrix}$$

Angka reproduksi dasar (R_0) merupakan nilai eigen dominan dari matriks $K = FV^{-1}$. Untuk mencari nilai eigen dari matriks K , maka akan dicari persamaan karakteristik dari K yaitu $\det(K - \lambda I) = 0$ dengan λ disebut nilai eigen dan I adalah matriks identitas. Sehingga diperoleh :

$$\det \left(\begin{bmatrix} 0 & \frac{C_{hv}N_v\mu_v}{N_h} \\ \frac{C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \end{bmatrix} - \lambda \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \right) = 0$$

$$\det \left(\begin{bmatrix} 0 & \frac{C_{hv}N_v\mu_v}{N_h} \\ \frac{C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix} \right) = 0$$

$$\det \begin{bmatrix} -\lambda & \frac{C_{hv}N_v\mu_v}{N_h} \\ \frac{C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p}{\gamma_h + \mu_h} & -\lambda \end{bmatrix} = 0$$

maka persamaan karakteristik K adalah :

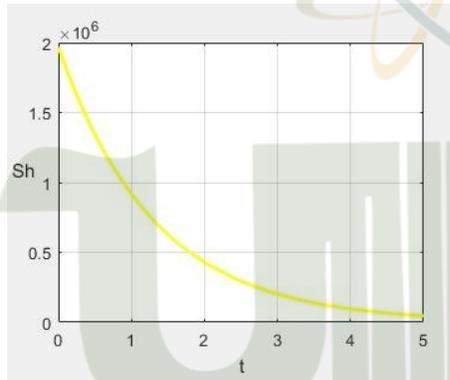
$$\lambda^2 - \left(\frac{C_{hv}N_v\mu_v}{N_h} \times \frac{C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p}{\gamma_h + \mu_h} \right) = 0$$

Sehingga didapat R_0 adalah

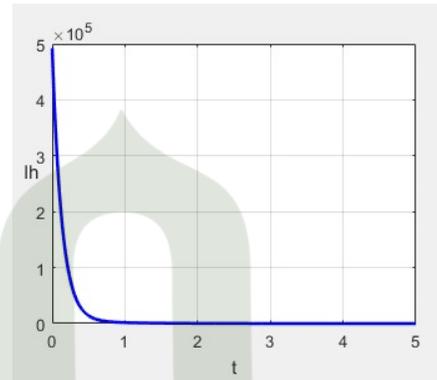
$$R_0 = \frac{C_{hv}N_v\mu_v(C_{vh}p\mu_h - C_{vh}p^2\mu_h + C_{vh}\mu_h^2 - C_{vh}\mu_h^2p)}{N_h(\gamma_h + \mu_h)}$$

4.2 Pembahasan

Berdasarkan persamaan (4.1) sampai (4.5) didapatkan plot dari model epidemic DBD dengan pengaruh vaksin yang tampak pada Gambar 4.2 hingga Gambar 4.7 berikut :

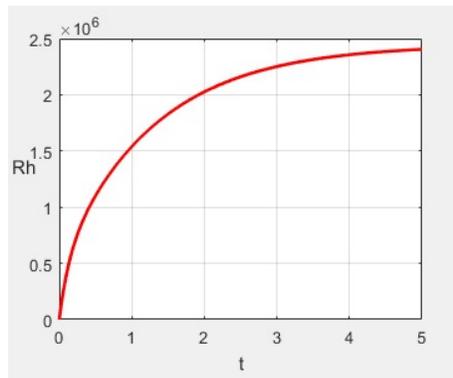


Gambar 4.2 Plot *Susceptible*
Populasi Manusia

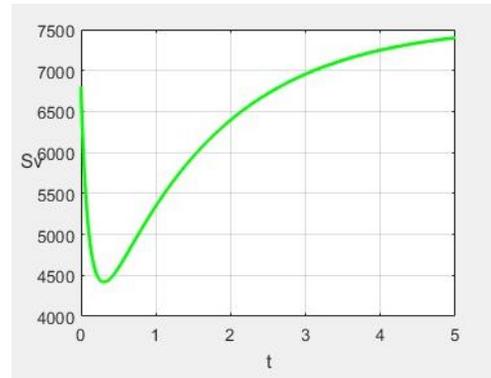


Gambar 4.3 Plot *Infected* Populasi
Manusia

Pada Gambar 4.2 terlihat bahwa di awal bulan sub populasi manusia yang rentan (*susceptible*) tampak berada dipuncak tetapi seiring berjalannya waktu jumlah manusia rentan semakin menurun bahkan hamper sampai dinilai nol. Hal ini karena sub populasi manusia rentan masuk dalam sub populasi manusia terinfeksi. Sedangkan pada Gambar 4.3 untuk sub manusia terinfeksi tampak menurundinilai nol, ini dikarenakan manusia yang terinfeksi masuk pada sub populasi manusia sembuh.

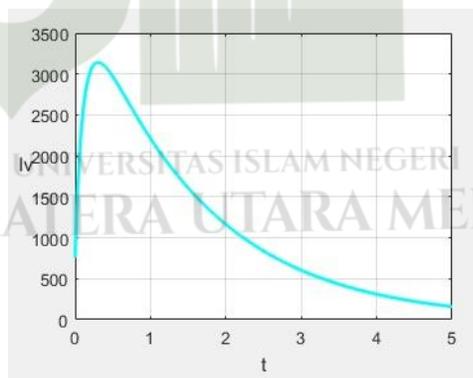


Gambar 4.4 Plot *Recovered* Populasi Manusia



Gambar 4.5 Plot *Susceptible* Populasi Nyamuk

Pada Gambar 4.4 populasi manusia sembuh pada bulan pertama meningkat kemudian memuncak dan stabil pada bulan kedua sampai bulan terakhir. Pada Gambar 4.5 populasi nyamuk yang rentan dari bulan pertama menurun kemudian setelah bulan pertama kembali memuncak lagi sampai bulan-bulan berikutnya, dikarenakan dalam sub populasi nyamuk rentan perlahan terinfeksi.



Gambar 4.6 Plot *Infected* Populasi Nyamuk

Pada Gambar 4.6 untuk populasi nyamuk terinfeksi yang awalnya meningkat dan mencapai jumlah maksimum menjelang bulan pertama dan kemudian menurun setelah bulan pertama mendekati nol pada bulan kelima sampai bulan kedua belas.