

Analisis Bifurkasi Pada Model Epidemiologi SEIR Demam Berdarah Di Surabaya

Desy Kusuma Ningsih, Hariyanto, dan Setijo Winarko
 Jurusan Matematika, Fakultas MIPA, Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS)
 Jl. Arief Rahman Hakim, Surabaya 60111 Indonesia
 email : hariyanto@matematika.its.ac.id , setijo_winarko@yahoo.com

Abstrak— Penyakit demam berdarah merupakan penyakit yang terjadi pada manusia yang penularannya melalui vektor (perantara) nyamuk dan penyakit endemik dengan angka kematian yang tinggi di daerah Surabaya. Penyakit demam berdarah menunjukkan peningkatan dalam jumlah kasus dan luas daerah yang berjangkit. Dikarenakan informasi mengenai penyebaran penyakit demam berdarah yang kurang maka perlu dilakukan kegiatan surveilans penyakit demam berdarah. Metode yang digunakan pada Tugas Akhir dengan mengkonstruksi kombinasi dari dua model non linear populasi individu yaitu kelompok *susceptible*, *infected*, *exposed*, dan *recovered* dan populasi vektor yaitu *aquatic phase*, *susceptible* dan *infected* serta menganalisis kestabilan dan bifurkasi dari model. Dalam tahap ini membahas tentang kestabilan dari titik-titik kesetimbangan, yang digunakan untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu penyakit. Selanjutnya membahas analisis bifurkasi pada model penyakit demam berdarah dengan menentukan basic reproduction number (\mathcal{R}_0) yang akan disimulasikan dengan pemrograman matematika. Sehingga akan didapatkan informasi tentang hasil \mathcal{R}_0 , dan rate transmission terhadap kestabilan dan bifurkasi serta peta penyebaran penyakit demam berdarah di Surabaya berdasarkan data yang diperoleh.

Kata kunci— Model Epidemiologi SEIR, Bilangan Reproduksi Dasar, Bifurkasi, Metode Runge-Kutta

I. PENDAHULUAN

Setiap tahun penyebaran penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) semakin bertambah dengan jumlah kasus yang cukup banyak. Demam Berdarah *Dengue* (DBD) merupakan salah satu penyakit berbahaya yang dapat menyebabkan kematian. Penyakit ini disebabkan oleh virus *dengue* dan hanya dapat menular melalui gigitan nyamuk, oleh karena itu penyakit ini termasuk kelompok *Anthropod Borne Diseases*. Virus *dengue* dibawa oleh *vector*, yaitu nyamuk *Aedes Aegypti* dan nyamuk *Aedes Albopictus*. Namun, *vector* utama pembawa virus *dengue* adalah nyamuk *Aedes Aegypti*. Virus merupakan parasit berukuran mikroskopik yang tidak memiliki perlengkapan selular untuk bereproduksi sendiri, sehingga virus mencari sel inang untuk melangsungkan hidup. Ketika virus mendapatkan sel inang untuk melangsungkan hidup, virus akan bereproduksi dan menghasilkan virus-virus baru [1].

Negara Indonesia berada di urutan kedua setelah Thailand, bahkan hingga pertengahan Februari 2009 terdapat 8,386 orang terinfeksi penyakit DBD di seluruh Indonesia dengan kematian mencapai

169 orang [2]. Di Indonesia, penyakit DBD pertama kali ditemukan di Surabaya pada tahun 1968, dengan kasus 58 orang anak, 24 diantaranya meninggal (*Case Fatality Rate/ CFR* = 41,3%). Sejak itu, DBD menunjukkan kecenderungan peningkatan jumlah kasus dan luas daerah jangkitnya. Hal ini diduga terjadi karena kurangnya informasi mengenai tempat, waktu dan lokasi penyebaran penyakit DBD di Kota Surabaya. Oleh karena itu perlu dilakukan kegiatan surveilans penyakit DBD. Kegiatan surveilans yang meliputi proses pengumpulan, pengolahan, analisis, interpretasi, dan distribusi data penyakit yang dilakukan secara sistematis dan terus – menerus disebut surveilans epidemiologi. Pengembangan sistem surveilans epidemiologi umumnya bertujuan untuk memantau kecenderungan perubahan dalam intervensi, deteksi dan prediksi Kejadian Luar Biasa (KLB), evaluasi program pencegahan dan proyeksi pelayanan kesehatan. Data surveilans epidemiologi yang dihasilkan, sebagian masih diolah secara manual dengan penyajian terbatas dalam bentuk tabel dan grafik [3].

Matematika memberikan salah satu solusi penyelesaian penyebaran penyakit demam berdarah dengan memodelkan penyebaran penyakit ke dalam bentuk matematis menggunakan tipe model SEIR. Model SEIR (*Susceptibles*, *Exposed*, *Infected*, *Recovered*) pada awalnya dikembangkan untuk mengetahui laju penyebaran dan kepunahan suatu wabah penyakit dalam populasi dan bersifat endemik.

Dalam penelitian ini akan dilakukan analisis pada model penyakit demam berdarah dengan menyelidiki adanya kestabilan dari setiap titik endemik, titik bebas penyakit dan menentukan bilangan reproduksi (\mathcal{R}_0) untuk model penyakit demam berdarah serta menganalisis bifurkasi. Selanjutnya merumuskan penyelesaian numerik dari model epidemiologi tersebut dan akan disimulasikan.

II. METODOLOGI PENELITIAN

A. Mengkonstruksi Model Epidemiologi SEIR Demam Berdarah Di Surabaya

Tahap mengkaji model epidemiologi SEIR demam berdarah di Surabaya dilakukan untuk memahami model epidemiologi SEIR demam berdarah yang terdiri dari 4 kelompok manusia yaitu *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovered* dan 3 kelompok nyamuk yaitu, *aquatic phase*, *susceptible* dan *infected*.

B. Mencari Titik Kesetimbangan dan Bilangan Reproduksi Dasar

Pada tahap ini dilakukan analisis model epidemiologi SEIR demam berdarah sehingga didapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit, titik kesetimbangan endemik dan bilangan reproduksi dasar.

C. *Menganalisis Kestabilan Lokal*

Tahap ini akan dicari kestabilan lokal dari titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik dengan memasukkan nilai kesetimbangan kedalam matriks Jacobian, sehingga didapatkan nilai akar-akar karakteristik dari matriks Jacobiannya untuk mengetahui kestabilan asimtotik lokal pada titik – titik tersebut.

D. *Analisis dan Pembahasan*

Tahap ini dilakukan analisa stabilitas dan bifurkasi pada model epidemiologi SEIR demam berdarah di Surabaya.

E. *Kesimpulan dan Saran*

Setelah dilakukan analisa dan pembahasan maka akan diambil suatu kesimpulan dan saran sebagai masukan untuk pengembangan penelitian lebih lanjut.

III. ANALISIS DAN PEMBAHASAN

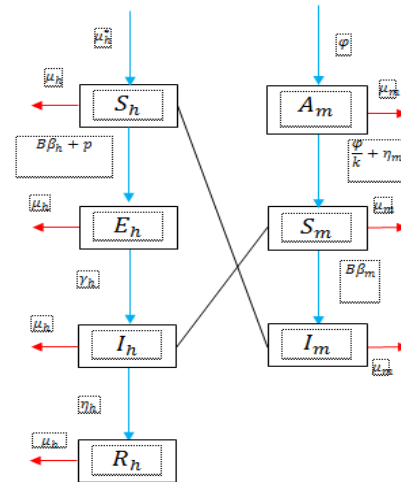
A. *Model Epidemiologi SEIR Demam Berdarah*

Model epidemik epidemiologi SEIR demam berdarah sebagai berikut :

- Populasi dibagi menjadi 4 kelompok manusia yaitu[4]:
 - S_h adalah populasi *susceptible* (kelompok individu yang rentan terhadap penyakit demam berdarah).
 - E_h adalah populasi *exposed* (kelompok individu yang terkena virus demam berdarah namun tidak tampak penyakitnya).
 - I_h adalah populasi *infected* (kelompok individu yang terinfeksi penyakit demam berdarah).
 - R_h adalah populasi *recovered* (kelompok individu yang menjadi sembuh dari virus demam berdarah).
- Populasi dibagi menjadi 3 kelompok nyamuk yaitu[5]:
 - A_m adalah populasi *aquase phase* (kelompok nyamuk pada tahap air yaitu telur, larva, dan pupa).
 - S_m adalah populasi *susceptible* (kelompok nyamuk yang rentan).
 - I_m adalah populasi *infected* (kelompok nyamuk yang terinfeksi).
- μ_h adalah menyatakan angka kematian alami dari populasi individu dan μ_m menyatakan angka kematian alami dari populasi nyamuk.
- B adalah rata – rata harian gigitan nyamuk (per hari).
- β_h adalah laju penularan melalui gigitan nyamuk yang terinfeksi dan β_m adalah laju penularan dari individu terinfeksi yang digigit oleh nyamuk.
- p adalah nilai persentase nyamuk terinfeksi.
- γ_h adalah laju proporsi individu yang terjangkit infeksi virus demam berdarah.

- η_h menyatakan laju individu yang sembuh karena memperoleh treatment dan η_m menyatakan laju pertumbuhan larva menjadi dewasa.
- μ_h^* menyatakan jumlah kelahiran pada populasi manusia dan φ menyatakan banyaknya telur – telur pada masing – masing deposit per kapita.
- k menyatakan banyaknya larva per individu.

Dari model epidemiologi SEIR tersebut didapatkan diagram kompartemen sebagai berikut



Gambar 1. Diagram Kompartemen Model Epidemiologi SEIR Demam Berdarah

Model dapat dituliskan sebagai berikut :

$$\frac{dS_h(t)}{dt} = \mu_h N_h - B\beta_h I_m \frac{S_h}{N_h} - pS_h - \mu_h S_h \quad (1)$$

$$\frac{dE_h(t)}{dt} = B\beta_h I_m \frac{S_h}{N_h} + pS_h - \mu_h E_h - \gamma_h E_h \quad (2)$$

$$\frac{dI_h(t)}{dt} = \gamma_h E_h - (\eta_h + \mu_h) I_h \quad (3)$$

$$\frac{dR_h(t)}{dt} = \eta_h I_h - \mu_h R_h \quad (4)$$

$$\frac{dA_m(t)}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{kN_m}\right) (S_m + I_m) - (\eta_m + \mu_m) A_m \quad (5)$$

$$\frac{dS_m(t)}{dt} = \eta_m A_m - \left(B\beta_m \frac{I_h}{N_h} + \mu_m\right) S_m \quad (6)$$

$$\frac{dI_m(t)}{dt} = B\beta_m \frac{I_h}{N_h} S_m - \mu_m I_m \quad (7)$$

$$S_h(0) \geq 0, E_h(0) \geq 0, I_h(0) \geq 0, R_h(0) \geq 0, A_m(0) \geq 0, S_m(0) \geq 0, I_m(0) \geq 0$$

dengan jumlah populasi

$$S_h(t) + E_h(t) + I_h(t) + R_h(t) = N_h(t) \quad (8)$$

Persamaan untuk (8) dapat ditulis menjadi $R_h(t) = N_h(t) - S_h(t) - E_h(t) - I_h(t)$, karena tiga persamaan pertama tidak mengandung $R_h(t)$ maka dapat direduksi persamaan laju populasi *Recovered* dengan mensubstitusikan $R_h(t) = N_h(t) - S_h(t) - E_h(t) - I_h(t)$ ke dalam persamaan (8), sehingga diperoleh persamaan baru menjadi :

$$\frac{dS_h(t)}{dt} = \mu_h N_h - \left(B\beta_h \frac{I_m}{N_h} + p + \mu_h\right) S_h \quad (9)$$

$$\frac{dE_h(t)}{dt} = \left(B\beta_h \frac{I_m}{N_h} + p\right) S_h - (\mu_h + \gamma_h) E_h \quad (10)$$

$$\frac{dI_h(t)}{dt} = \gamma_h E_h - (\eta_h + \mu_h) I_h \quad (11)$$

$$\frac{dA_m(t)}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{kN_h}\right) (S_m + I_m) - (\eta_m + \mu_m) A_m \quad (12)$$

$$\frac{dS_m(t)}{dt} = \eta_m A_m - \left(B\beta_m \frac{I_h}{N_h} + \mu_m \right) S_m \quad (13)$$

$$\frac{dI_m(t)}{dt} = B\beta_m \frac{I_h}{N_h} S_m - \mu_m I_m \quad (14)$$

B. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Titik kesetimbangan bebas penyakit adalah suatu keadaan tidak terjadi penyebaran penyakit menular dalam suatu populasi sehingga $I_h = 0, I_m = 0$

Titik kesetimbangan model didapatkan dengan

$$\frac{dS_h(t)}{dt} = 0, \frac{dE_h(t)}{dt} = 0, \frac{dI_h(t)}{dt} = 0, \frac{dA_m(t)}{dt} = 0, \frac{dS_m(t)}{dt} = 0, \frac{dI_m(t)}{dt} = 0$$

dari persamaan (9) – (14) sehingga didapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (S_h, E_h, 0, A_m, S_m, 0)$ adalah

$$E_0 = \left\{ \frac{\mu_h N_h}{(p + \mu_h)}, p \frac{\mu_h N_h}{(p + \mu_h)(\mu_h + \gamma_h)}, 0, \frac{k N_m \mathcal{M}}{\varphi \eta_m}, \frac{k N_m \mathcal{M}}{\mu_m \varphi}, 0 \right\}$$

dengan $\mathcal{M} = -(\eta_m \mu_m + \mu_m \mu_m - \varphi \eta_m)$

C. Titik Kesetimbangan Endemik

Titik kesetimbangan endemik adalah suatu keadaan dimana terjadi infeksi penyakit di dalam populasi sehingga $I_h \neq 0$ dan $I_m \neq 0$. Titik Kesetimbangan Endemik didapatkan dengan

$$\frac{dS_h(t)}{dt} = 0, \frac{dE_h(t)}{dt} = 0, \frac{dI_h(t)}{dt} = 0, \frac{dA_m(t)}{dt} = 0, \frac{dS_m(t)}{dt} = 0, \frac{dI_m(t)}{dt} = 0$$

dari persamaan (9) – (14) sehingga didapatkan titik kesetimbangan endemik $E_0^* = (S_h^*, E_h^*, I_h^*, A_m^*, S_m^*, I_m^*)$ dengan

$$S_h^* = \frac{\mu_h N_h^2}{B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h}$$

$$E_h^* = \left(\frac{B\beta_h I_m^* + pN_h}{(\mu_h + \gamma_h)} \right) \left(\frac{\mu_h N_h}{B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h} \right)$$

$$I_h^* = \frac{\gamma_h}{(\eta_h + \mu_h)} \left(\frac{B\beta_h I_m^* + pN_h}{(\mu_h + \gamma_h)} \right) \left(\frac{\mu_h N_h}{B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h} \right)$$

$$A_m^* = \frac{\mu_m I_m^* (\mu_h B\beta_m \gamma_h (B\beta_h I_m^* + pN_h) + \mu_m (\eta_h + \mu_h) (\mu_h + \gamma_h) (B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h))}{\eta_m \mu_h \gamma_h B\beta_m (B\beta_h I_m^* + pN_h)}$$

$$S_m^* = \frac{\mu_m I_m^* (\eta_h + \mu_h) (\mu_h + \gamma_h) (B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h)}{\mu_h \gamma_h B\beta_m (B\beta_h I_m^* + pN_h)}$$

D. Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan Reproduksi Dasar (*Basic Reproduction Number*) diperlukan sebagai parameter untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu penyakit.

Didefinisikan sebagai berikut[6] :

\mathcal{F}_i adalah laju kemunculan suatu infeksi baru pada kompartemen i

\mathcal{V}_i^- adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen i

\mathcal{V}_i^+ adalah laju dari perpindahan individu masuk ke dalam kompartemen i

$$\mathcal{V}_i = \mathcal{V}_i^- - \mathcal{V}_i^+$$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & 0 & B\beta_h \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & B\beta_m & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \mu_h + \gamma_h & 0 & 0 \\ -\gamma_h & \eta_h + \mu_h & 0 \\ 0 & 0 & \mu_m \end{bmatrix}$$

Maka *Basic Reproduction Number* dari model adalah :

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \sqrt{\frac{\gamma_h B^2 \beta_m \beta_h}{(\gamma_h + \mu_h)(\eta_h + \mu_h)\mu_m}}$$

dengan rate transmission

$$\beta_h \geq \beta_{h_{min}} = \left(1 + \frac{\mu_h}{\gamma_h} \right) \frac{(\eta_h + \mu_h)\mu_m}{B^2 \beta_m}$$

E. Kestabilan Lokal Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Analisis kestabilan dilakukan untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu penyakit. Model epidemiologi SEIR demam berdarah di Surabaya merupakan model persamaan yang tak linier, sehingga perlu dilakukan pelinieran dengan menggunakan ekspansi deret Taylor pada persamaan (9) sampai (14).

Matriks Jacobian persamaan (9) sampai (14) di titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (S_h, E_h, 0, A_m, S_m, 0)$ menjadi

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} a & 0 & 0 & 0 & 0 & -k \\ b & c & 0 & 0 & 0 & k \\ 0 & d & e & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & g & i & i \\ 0 & 0 & -f & h & j & 0 \\ 0 & 0 & f & 0 & 0 & j \end{bmatrix}$$

dengan

$$a = -p - \mu_h, b = p, c = -\mu_h - \gamma_h, d = \gamma_h, e = -\eta_h - \mu_h, f = \frac{B\beta_m k \mathcal{M}}{\mu_m \varphi}, g = -\frac{\mathcal{M}}{\mu_m} - \mu_m - \eta_m, h = \eta_m, i = \varphi - \frac{\mathcal{M}}{\eta_m}, j = -\mu_m, \text{ dan } k = \frac{\mu_h B\beta_h}{p + \mu_h}$$

Selanjutnya dicari persamaan karakteristik dengan menggunakan

$$|J(E_0) - \lambda I| = 0$$

Maka akan diperoleh akar-akar karakteristiknya sebagai berikut

$$\lambda^6 + a_1 \lambda^5 + a_2 \lambda^4 + a_3 \lambda^3 + a_4 \lambda^2 + a_5 \lambda + a_6 = 0$$

dengan

$$a_1 = 2g - a - c - e$$

$$a_2 = ac + ae - 2ag + ce - cg + eg + 2gj + j^2 + hi$$

$$a_3 = acg - ace - aeg - 2agj - aj^2 + ceg - 2cgj - cj^2 - chi - 2egj - ej^2 - ehi - gj^2 - hij + dfk$$

$$a_4 = 2acgj + acj^2 - aceg + achi + 2aegj + aej^2 + aehi + agj^2 + ahij - adfk + 2cegj + cej^2 + cehi + cgj^2 - chij + egj^2 + ehij - dfgk - dfjk + bdfk$$

$$a_5 = adfgk + adfjk - cegj^2 - 2acegj - acej^2 - acehi - acgj^2 - achij - aegj^2 - aehij - ce hij + dfgjk - dfhik - bdfgk - bdfjk$$

$$a_6 = acegj^2 + acehij - adfgjk + adfhik + bdfgjk - bdfhik$$

Titik kesetimbangan bebas penyakit dari model (4.9) – (4.14) dikatakan stabil jika akar – akar persamaan karakteristik dari suatu matriks

mempunyai nilai eigen dengan bagian real negatif. Dengan rumus Routh – Hurwitz dapat dituliskan dalam tabel berikut ini :

Tabel 1 Routh – Hurwitz Bebas Penyakit

a_0	a_2	a_4	a_6	$a_8 = 0$	$a_{10} = 0$
a_1	a_3	a_5	$a_7 = 0$	$a_9 = 0$	$a_{11} = 0$
b_1	b_2	b_3	b_4	0	0
c_1	c_2	c_3	0	0	0
d_1	d_2	0	0	0	0
e_1	0	0	0	0	0

dengan

$$b_1 = \frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1}, b_2 = \frac{a_1 a_4 - a_0 a_5}{a_1}, b_3 = \frac{a_1 a_6 - a_0 a_7}{a_1} = a_6,$$

$$b_4 = \frac{a_1 a_8 - a_0 a_9}{a_1} = 0, c_1 = \frac{b_1 a_3 - b_2 a_1}{b_1}, c_2 = \frac{b_1 a_5 - b_3 a_1}{b_1},$$

$$c_3 = \frac{b_1 a_7 - b_4 a_1}{b_1} = 0, d_1 = \frac{c_1 b_2 - c_2 b_1}{c_1},$$

$$d_2 = \frac{c_1 b_3 - c_3 b_1}{c_1} = b_3, \text{ dan } e_1 = \frac{d_1 c_2 - d_2 c_1}{d_1}$$

- Nilai a_1 positif ($a_1 > 0$) jika $p + 3\mu_h + \gamma_h + \eta_h > \frac{M}{\mu_m} + \mu_m + \eta_m$
- Nilai b_1 akan bernilai positif ($\frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1} > 0$) jika a_2 bernilai positif ($a_2 > 0$)
- Nilai c_1 akan bernilai positif jika $b_1 a_3 > b_2 a_1$ maka akibatnya nilai $a_3 > 0$
- Nilai d_1 akan bernilai positif jika $c_1 b_2 > c_2 b_1$ maka akibatnya nilai $b_2 > 0$ jika $a_1 a_4 > a_0 a_5$
- Nilai e_1 akan bernilai positif jika $d_1 c_2 > d_2 c_1$ maka akibatnya nilai $c_2 > 0$ jika $b_1 a_5 > b_3 a_1$

Dari tabel Routh-Hurwitz dapat dilihat bahwa variabel- variabel pada kolom pertama memiliki nilai yang sama yaitu bertanda positif. Titik kesetimbangan bebas penyakit untuk model epidemiologi SEIR demam berdarah terbukti stabil asimtotik lokal jika memenuhi $a_1 > 0, a_1 a_2 > a_0 a_3, b_1 a_3 > b_2 a_1, c_1 b_2 > c_2 b_1$, dan $d_1 c_2 > d_2 c_1$.

F. Kestabilan Lokal Titik Kesetimbangan Endemik

Kestabilan lokal titik endemik dilakukan pelinieran terlebih dahulu sebelum melakukan analisis kestabilan.

Matriks Jacobian persamaan (9) sampai (14) di titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0^* =$

$$(S_h^*, E_h^*, I_h^*, A_m^*, S_m^*, I_m^*)$$

$$J(E_0^*) = \begin{bmatrix} a & 0 & 0 & 0 & 0 & -m \\ b & c & 0 & 0 & 0 & m \\ 0 & d & f & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & h & j & j \\ 0 & 0 & -g & i & -k + l & 0 \\ 0 & 0 & g & 0 & k & l \end{bmatrix}$$

dengan

$$a = -\frac{B\beta_h I_m^*}{N_h} - p - \mu_h, b = \frac{B\beta_h I_m^*}{N_h} + p, c = -\mu_h - \gamma_h,$$

$$d = \gamma_h, f = -\eta_h - \mu_h, g = \frac{B\beta_m S_m^*}{N_h},$$

$$h = -\frac{\varphi}{kN_m} (S_m^* + I_m^*) - (\eta_m + \mu_m), i = \eta_m,$$

$$j = \varphi \left(1 - \frac{A_m^*}{kN_m} \right), k = \frac{B\beta_m I_h^*}{N_h}, l = -\mu_m, \text{ dan } m = \frac{B\beta_h S_h^*}{N_h}$$

Selanjutnya dicari persamaan karakteristik dengan menggunakan

$$|J(E_0) - \lambda I| = 0$$

Maka akan diperoleh akar-akar karakteristiknya sebagai berikut

$$\lambda^6 + a_1 \lambda^5 + a_2 \lambda^4 + a_3 \lambda^3 + a_4 \lambda^2 + a_5 \lambda + a_6 = 0$$

dengan masing – masing nilai untuk a_1, a_2, a_3, a_4, a_5 , dan a_6 adalah

$$a_1 = f - a - c - h + k$$

$$a_2 = ac - af + ah - ak + cf + ch - ck - 2cl + fh + fk + 2fl - hk - 2hl + kl + l^2 + 2l$$

$$a_3 = 2acl - acf - ach + ack - afh - afk - 2afl + ahk + 2ahl - akl - al^2 - 2al - cfh + cfk + 2cfl + chk + 2chl - ckl - cl^2 + fhk + 2fhl - fkl + fl^2 - hkl - hl^2 - 2ijl - ijk + dgm$$

$$a_4 = acfh - acfk - 2acfl - achk - 2achl + ackl + acl^2 - afhk - 2afhl + afkl - afl^2 + ahkl + ahl^2 + 2aijl + aijk - adgm - cfhk - 2cfhl + cfkl + cfl^2 + chkl + chl^2 + 2cijl + cijk + fhkl + fhl^2 + 2fijl + fijk - 2dgkm + dghm - dglm + bgm$$

$$a_5 = cfhk + 2acfhl - acfkl - acfl^2 - achkl - achl^2 - 2acijl - acijk - afhkl - afhl^2 - 2afijl - afijk - adghm + adglm - cfhkl - cfhl^2 - 2cfijl - cfijk + 2dghkm + dghlm - dijm + bdgkm - bghm + bgkm + bglm$$

$$a_6 = acfhkl + acfhl^2 + 2acfijl + acfij$$

Titik kesetimbangan endemik dari model (4.9) – (4.14) dikatakan stabil jika akar – akar persamaan karakteristik dari suatu matriks mempunyai nilai eigen dengan bagian real negatif jika dan hanya jika $a_1 > 0, b_1 > 0, c_1 > 0, d_1 > 0$, dan $e_1 > 0$. Dengan rumus Routh – Hurwitz dapat dituliskan dalam tabel berikut ini :

Tabel 2 Routh – Hurwitz Endemik

a_0	a_2	a_4	a_6	$a_8 = 0$	$a_{10} = 0$
a_1	a_3	a_5	$a_7 = 0$	$a_9 = 0$	$a_{11} = 0$
b_1	b_2	b_3	b_4	0	0
c_1	c_2	c_3	0	0	0
d_1	d_2	0	0	0	0
e_1	0	0	0	0	0

dengan

$$b_1 = \frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1}, b_2 = \frac{a_1 a_4 - a_0 a_5}{a_1}, b_3 = \frac{a_1 a_6 - a_0 a_7}{a_1} = a_6,$$

$$b_4 = \frac{a_1 a_8 - a_0 a_9}{a_1} = 0, c_1 = \frac{b_1 a_3 - b_2 a_1}{b_1}, c_2 = \frac{b_1 a_5 - b_3 a_1}{b_1},$$

$$c_3 = \frac{b_1 a_7 - b_4 a_1}{b_1} = 0, d_1 = \frac{c_1 b_2 - c_2 b_1}{c_1},$$

$$d_2 = \frac{c_1 b_3 - c_3 b_1}{c_1} = b_3, \text{ dan } e_1 = \frac{d_1 c_2 - d_2 c_1}{d_1}$$

- Nilai a_1 positif ($a_1 > 0$) jika $\frac{B\beta_h I_m^*}{N_h} + p + \mu_h + \gamma_h + \frac{\varphi}{kN_m} (S_m^* + I_m^*) + \eta_m + \mu_m + \frac{B\beta_m I_h^*}{N_h} > \eta_h + \mu_h$

- Nilai b_1 akan bernilai positif ($\frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1} > 0$) jika a_2 bernilai positif ($a_2 > 0$)
- Nilai c_1 akan bernilai positif jika $b_1 a_3 > b_2 a_1$ maka akibatnya nilai $a_3 > 0$
- nilai d_1 akan bernilai positif jika $c_1 b_2 > c_2 b_1$ maka akibatnya nilai $b_2 > 0$ jika $a_1 a_4 > a_0 a_5$
- Nilai e_1 akan bernilai positif jika $d_1 c_2 > d_2 c_1$ maka akibatnya nilai $c_2 > 0$ jika $b_1 a_5 > b_3 a_1$

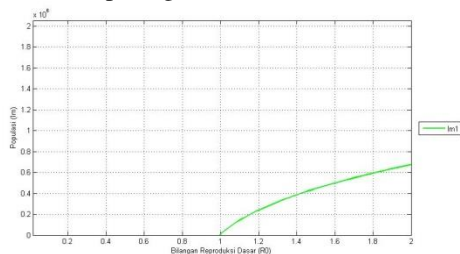
Dari tabel Routh-Hurwitz dapat dilihat bahwa variabel- variabel pada kolom pertama memiliki nilai yang sama yaitu bertanda positif. Titik kesetimbangan endemik untuk model epidemiologi SEIR demam berdarah terbukti stabil asimtotik lokal jika memenuhi $a_1 > 0, a_1 a_2 > a_0 a_3, b_1 a_3 > b_2 a_1, c_1 b_2 > c_2 b_1,$ dan $d_1 c_2 > d_2 c_1.$

G. Analisa Bifurkasi

Dalam hal ini, menggunakan titik kesetimbangan endemik $f(I_m)$ untuk mencari persamaan \mathcal{R}_0 yang optimum untuk membuat kurva bifurkasinya. Diketahui $f(I_m)$ sebagai berikut

$$f(I_m^*) = AI_m^{*4} + BI_m^{*3} + CI_m^{*2} + DI_m^* = 0$$

Selanjutnya akan disimulasikan untuk menghasilkan kurva bifurkasi dengan sumbu (x,y). Pada gambar (4.1) merupakan hasil kurva bifurkasi dengan $\mu_h = 0.000385, \mu_m = 0.1, B = 0.8, \beta_m = 0.375, p = 0.09, \gamma_h = 0.1667, \eta_m = 0.08, \varphi = 0.0369128, k = 3, N_h = 480.000, \eta_h = 7, \beta_h = 2.9236.$ Dapat dilihat pada gambar berikut



Gambar 1. Kurva Bifurkasi

Gambar 1 menunjukkan bahwa saat $I_{m2} \geq 0$ adanya bifurkasi maju maka terjadi penyebaran demam berdarah oleh nyamuk. Sehingga penyakit akan menyebar dan tidak dapat ditangani.

H. Solusi Numerik dan Simulasi

Metode numerik yang digunakan adalah metode numerik Runge- Kutta orde empat. Parameter dan nilai awal yang digunakan disajikan dalam tabel berikut ini :

Tabel 3. Nilai Parameter

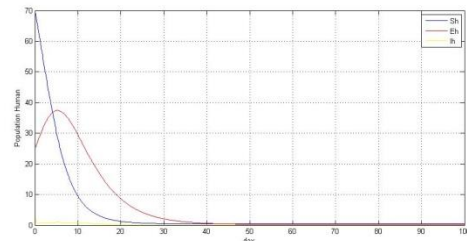
NO	Parameter	Nilai Parameter
1	B	0.8
2	φ	0.1
3	γ_h	0.1667

4	μ_h	0.0000385
5	μ_m	0.1
6	β_h	2.92356
7	β_m	0.375
8	η_h	7
9	η_m	0.08
10	p	0.09
11	κ	3

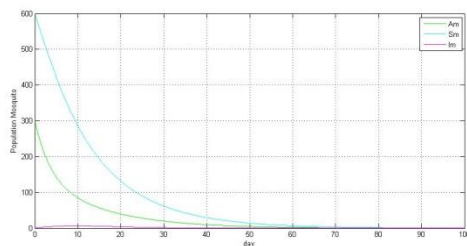
Tabel 4. Nilai Awal dari masing-masing Populasi 1

No	Sub populasi ketika $t = 0$	Nilai awal (per jiwa)
1	S_h	70
2	E_h	25
3	I_h	5
4	A_m	300
5	S_m	600
6	I_m	50
7	N_h	100

Hasil simulasi dengan mengambil parameter dan nilai awal berdasarkan yang terdapat pada Tabel 1 dan Tabel 2 menghasilkan $\mathcal{R}_0 = 1$, yang berarti simulasi model berada pada keadaan endemik. Didapatkan grafik kestabilan sebagai berikut:



Gambar 2. Grafik Populasi Manusia pada Dinamika Penyebaran Penyakit Demam Berdarah di Surabaya



Gambar 3. Grafik Populasi Nyamuk pada Dinamika Penyebaran Penyakit Demam Berdarah di Surabaya

Pada Gambar 2 dan Gambar 3 t-nya diperpanjang hingga mencapai 100 hari, dengan $N = 100, h = 0.01$. Dari gambar tersebut terlihat bahwa populasi manusia yaitu *Susceptible*, *Exposed* dan *Infected*. Pada populasi nyamuk yaitu *Aquase Phase*, *Susceptible*, dan *Infected* sudah menunjukkan ke arah titik setimbang dan stabil pada titik tersebut. Untuk

populasi *Susceptible* grafik populasi ini menuju satu titik yaitu $S_h = 0.426$ dan stabil pada titik tersebut. Ini artinya pada populasi tersebut sudah tidak terjadi lagi penyebaran penyakit. Pada populasi E_h dan I_h grafik populasi ini menuju satu titik yaitu 0.2294 dan 0.00054631 serta konstan pada titik tersebut. Ini artinya pada populasi E_h dan I_h ini lama – lama akan habis. Pada populasi A_m dan S_m pergerakan grafik yaitu 0.03 dan 0.2277 yang berarti populasi A_m dan S_m menunjukkan ke arah titik setimbang dan stabil pada titik titik tersebut. Sedangkan pada populasi I_m menuju ke arah titik setimbang yaitu 0.5187 dan konstan. Hal ini berarti populasi I_m akan mengalami kematian sehingga tidak terjadi penyebaran.

IV. KESIMPULAN

Berdasarkan analisis dan pembahasan pada penulisan tugas akhir ini, maka dapat diambil kesimpulan sebagai berikut

1. Dengan mempelajari fenomena yang ada dan diberikan beberapa definisi, diperoleh konstruksi model penyebaran demam berdarah sebagai berikut

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h^* N_h - B\beta_h \frac{S_h}{N_h} I_m - pS_h - \mu_h S_h$$

$$\frac{dE_h}{dt} = B\beta_h \frac{S_h}{N_h} I_m + pS_h - \mu_h E_h - \gamma_h E_h$$

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

$$\frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{kN_m} \right) (S_m + I_m) - (\eta_m + \mu_m) A_m$$

$$\frac{dS_m}{dt} = \eta_m A_m - (B\beta_m \frac{I_h}{N_h} + \mu_m) S_m$$

$$\frac{dI_m}{dt} = B\beta_m \frac{I_h}{N_h} S_m - \mu_m I_m$$

2. Model epidemiologi *SEIR* demam berdarah di Surabaya yang telah dianalisis mempunyai dua titik setimbang dan analisis kestabilan sebagai berikut :

- a. Titik kesetimbangan bebas penyakit

$$E_0 = (S_h^0, E_h^0, I_h^0, R_h^0, A_m^0, S_m^0, I_m^0)$$

$$E_0 =$$

$$\left\{ \frac{\mu_h^* N_h}{(p+\mu_h)}, \frac{p\mu_h^* N_h}{(p+\mu_h)(\mu_h+\gamma_h)}, 0, \frac{kN_m \mathcal{M}}{\varphi \eta_m}, \frac{kN_m \mathcal{M}}{\mu_m \varphi}, 0 \right\}$$

- b. Titik kesetimbangan endemik

$$E_0^* = (S_h^*, E_h^*, I_h^*, A_m^*, S_m^*, I_m^*)$$

dengan

$$S_h^* = \frac{\mu_h^* N_h^2}{B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h}$$

$$E_h^* = \left(\frac{B\beta_h I_m^* + pN_h}{(\mu_h + \gamma_h)} \right) \left(\frac{\mu_h^* N_h}{B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h} \right)$$

$$I_h^* = \frac{\gamma_h}{(\eta_h + \mu_h)} \left(\frac{B\beta_h I_m^* + pN_h}{(\mu_h + \gamma_h)} \right) \left(\frac{\mu_h^* N_h}{B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h} \right)$$

$$A_m^* = \frac{\mu_m I_m^* (\mu_h B\beta_m \gamma_h (B\beta_h I_m^* + pN_h) + \mu_m (\eta_h + \mu_h) (\mu_h + \gamma_h) (B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h))}{\eta_m \mu_h^* \gamma_h B\beta_m (B\beta_h I_m^* + pN_h)}$$

$$S_m^* = \frac{\mu_m I_m^* (\eta_h + \mu_h) (\mu_h + \gamma_h) (B\beta_h I_m^* + pN_h + \mu_h N_h)}{\mu_h^* \gamma_h B\beta_m (B\beta_h I_m^* + pN_h)}$$

Jika $\mathcal{R}_0 < 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit ada dan bersifat stabil asimtotik, artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat

diprediksi bahwa infeksi akan bersih dari populasi. Sedangkan jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka kedua titik kesetimbangan ada, akan tetapi titik ketimbangan endemik bersifat stabil asimtotik dan titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil, artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan menyebar pada populasi. Dengan bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) yaitu :

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\frac{\gamma_h B^2 \beta_m \beta_h}{\mu_m (\gamma_h + \mu_h) (\eta_h + \mu_h)}}$$

dan *rate transmission*

$$\beta_h \geq \beta_{h_{min}} = \left(1 + \frac{\mu_h}{\gamma_h} \right) \frac{(\eta_h + \mu_h) \mu_m}{B^2 \beta_m}$$

dengan nilai $\eta_h =$ jumlah penderita – jumlah yang meninggal , yang diperoleh dari data Dinas Kesehatan Kota Surabaya

3. Perubahan jenis kurva bifurkasi dipengaruhi oleh perubahan nilai \mathcal{R}_0 yang mempengaruhi nilai A,B, C, dan D sehingga nilai titik puncaknya pun berubah. Bifurkasi maju terjadi pada saat titik puncak dari sistem persamaan $f(I_m)$ yaitu pada saat I_m bernilai real positif.
4. Simulasi model epidemiologi *SEIR* demam berdarah dengan menggunakan metode numerik Runge-Kutta menghasilkan grafik dari kesetimbangan jika nilai h = 0.01. Serta pengaruh dari input nilai awal pada populasi ,jika nilai awal pada populasi lebih sedikit maka waktu untuk menuju titik setimbang semakin cepat.

V. DAFTAR PUSTAKA

- [1] Radhianti, R. 2012. “*Simulasi dan Analisa Kestabilan Model Matematika Mengenai Proses Transmisi Virus Dengue di dalam Tubuh Manusia*”. Bandung : Skripsi Jurusan Matematika UIN Gunung Djati.
- [2] Rangkuti, Y.M dan Side, S. 2013. “*Solusi Numerik Pemodelan Matematika SIR dan SEIR untuk Penularan Demam Berdarah dengan Metode Semi Analitik di Sulawesi Selatan*”. Medan : Laporan Akhir Tahun I Penelitian Fundamental Jurusan Matematika Universitas Negeri Medan.
- [3] Widi, C.A, Nataliani, Y, dan Hendry. 2011. “*Deteksi Dan Prediksi Daerah Endemis Demam Berdarah Dengue (Dbd) Dengan Pemodelan Matematis Susceptible, Infected, Recovered (SIR) (Studi Kasus : Kabupaten Semarang)*”. Semarang : Tugas Akhir Jurusan Teknologi Informasi Aiti.
- [4] Noorani, M.S.M. 2012. “*SEIR Model For Transmission Of Dengue Fever In Selangor Malaysia*”. Selangor : International Journal of Modern Physics. Vol. 9

- [5] Rodrigues, Helena Sofia, Monteiro, M. Teresa T, dan Torres, Delfim F.M. 2013. "*Sensitivity Analysis in a Dengue Epidemiological Model*". Portugal : Conference Paper.
- [6] Driessche, P. v., & Wetmough, J. (2002), "*Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission*", *Mathematical Biosciences*, Vol. 180, hal. 29-48.