

**PENYEBARAN CITRUS TRISTEZA VIRUS PADA TANAMAN JERUK
DENGAN WAKTU TUNDAAN**

Dinar Agil Zulfiyana

(Jurusan Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya)
e-mail: dinaragilxiiia4@gmail.com

Yusuf Fuad

(Jurusan Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya)
e-mail: yusuffuad@unesa.ac.id

Abstrak

Tanaman jeruk merupakan salah satu tanaman dengan produksi buah terbesar di dunia. Tanaman jeruk dapat terserang penyakit yang dapat disebabkan oleh virus misalnya Citrus Tristeza Virus (CTV), disebarkan oleh kutu daun (*Toxoptera citricida*). CTV dapat menyebabkan beberapa efek untuk tanaman jeruk antara lain kerdil, klorosis pada daun, gugurnya bunga, penurunan jumlah produksi tanaman jeruk, dan ukuran buah menjadi kecil.

Tujuan penelitian ini untuk merekonstruksi model matematika penyebaran Citrus Tristeza Virus pada tanaman jeruk tanpa dan dengan waktu tundaan berdasarkan model SIR-SI. Populasi tanaman jeruk terdiri dari subpopulasi tanaman jeruk rentan $S(t)$, terinfeksi $I(t)$, dan sembuh $R(t)$. Sedangkan populasi serangga terdiri dari subpopulasi serangga rentan $S_X(t)$ dan terinfeksi $I_Y(t)$. Model matematika direkonstruksi tanpa dan dengan waktu tundaan.

Model penyebaran Citrus Tristeza Virus pada tanaman jeruk tanpa dan dengan waktu tundaan dengan jumlah dalam ratusan dan parameter $(K; N; \beta; \beta_1; \alpha; a_1; \mu; \gamma; \Lambda; \nu) = (1000; 40; 0,001; 0,001; 0,2; 0,1; 0,01; 0,01; 20; 0,2)$ memiliki titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0 = (1000; 0; 0; 40; 0)$ dan titik kesetimbangan endemik $E^* = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23; 0,77)$. Oleh karena itu, analisis kestabilan model di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik tanpa dan dengan waktu tundaan menunjukkan bahwa model stabil asimtotik. Selain itu, bilangan reproduksi dasar (ρ) ditentukan untuk nilai parameter m , dengan $m \geq 0,30$ untuk keadaan bebas penyakit dan $m < 0,30$ untuk keadaan endemik.

Simulasi tanpa dan dengan waktu tundaan pada tanaman jeruk $\tau_1 = 40$, waktu tundaan pada serangga $\tau_2 = 18$, total populasi pada tanaman jeruk $K = 1000$ dan populasi serangga $N = 40$, dengan memilih $m = 0,5$, respon model stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0 = (1000; 0; 0; 40; 0)$ dan $m = 0,25$, respon model stabil menuju titik kesetimbangan endemik $E^* = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23; 0,77)$. Dengan menerapkan waktu tundaan, dapat disimpulkan bahwa penyebaran CTV pada tanaman jeruk dapat dihambat dengan mempercepat panen sebelum tanaman jeruk terinfeksi virus, sehingga panen buah jeruk dapat lebih baik dibandingkan tanpa waktu tundaan.

Kata Kunci: Tanaman jeruk, Citrus Tristeza Virus, model SIR-SI, waktu tundaan, titik kesetimbangan.

Abstract

Citrus plant is one of the biggest production fruit plants in the world. Citrus plant can be infected with a disease by virus, such as Citrus Tristeza Virus propagated by *Toxoptera citricida*. CTV spreads some affects for citrus plant, for example dwarf, leaf clorosis, fall prematurely of flower, decreasing production, and decreasing of fruit size.

The aim of this study is to construct a mathematical model from Citrus Tristeza Virus propagation of citrus plant with delays based on SIR-SI model. Citrus plant consists of subpopulation susceptible $S(t)$, infected $I(t)$, and recovered $R(t)$. While vector population consists of susceptible $S_X(t)$ and infected insect $I_Y(t)$. Mathematical models reconstructed without delays and with time delays.

Modelling Citrus Tristeza Virus propagation in citrus plants without delays and with delays with amounts in hundreds and the chosen value of parameters $(K; N; \beta; \beta_1; \alpha; a_1; \mu; \gamma; \Lambda; \nu) = (1000; 40; 0,001; 0,001; 0,2; 0,1; 0,01; 0,01, 20, 0,2)$ have two equilibrium points, disease free equilibrium $E^0 = (1000; 0; 0; 40; 0)$ and endemic equilibrium point $E^* = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23; 0,77)$. Hence, the stability analysis of the model, around the disease-free equilibrium point and endemic without delays and with delays, were asymptotic stable. Moreover, the basic reproduction number (ρ) was

determined for the parameter value m , selection of m values (ρ) with $m \geq 0,30$ for disease free state and $m > 0,30$ for endemic.

The simulation without delay and using delay in citrus plant with $\tau_1 = 40$, insect delay time $\tau_2 = 18$, total population $K = 1000$ and insect population $N = 40$, with $m = 0,5$, the model response is asymptotic stable to disease-free equilibrium $E^0 = (1000; 0; 0; 40; 0)$, while for $m = 0,25$, the model response is stable toward the endemic equilibrium point $E^* = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23; 0,77)$. Applying time delays, it is concluded that the spread of CTV on citrus plant can be inhibited by accelerating the harvest before the citrus plant is infected to the virus, so that the harvest citrus fruits can be obtained more better than without giving delays.

Keywords: Citrus Plant, Citrus Tristeza Virus, SIR-SI model, equilibrium point.

PENDAHULUAN

Tanaman jeruk merupakan salah satu tanaman dengan produksi buah terbesar didunia adalah tanaman jeruk. Tanaman jeruk dapat terserang penyakit yang dapat disebabkan oleh virus, misalnya *Citrus Tristeza* (CTV) (Silva, et al., 2012). Tanaman jeruk yang sehat dapat terinfeksi virus karena dihindangi oleh serangga yang sebelumnya menghinggapi tanaman jeruk yang telah terinfeksi. Salah satu serangga yang menyebarkan virus yaitu kutu daun (*Toxoptera citricida*) (Mawassi, et al, 1996). *Toxoptera citricida* berkembang biak bergantung pada suhu yaitu di antara suhu $20^\circ\text{C} - 30\%$, dan kapasitas peningkatan menjadi 0,4 saat suhu 25°C . *Toxoptera citricida* betina dapat menghasilkan populasi lebih dari 4.400 telur dalam jangka waktu 3 minggu tanpa adanya pemangsa alami (Halbert and Brown, 2011).

Dampak yang diakibatkan CTV tanaman jeruk antara lain tanaman menjadi kerdil, klorosis pada daun, gugurnya bunga, penurunan jumlah produksi tanaman, dan ukuran buah hasil produksi tanaman jeruk menjadi kecil (Ferguson and Garnsey, 1993).

Berdasarkan latar belakang diatas maka penulis tertarik untuk mengkaji model penyebaran virus tanaman yang menggambarkan interaksi antara tanaman jeruk dan serangga pembawa virus. Tujuan dari penelitian ini untuk merekonstruksi model penyebaran CTV tanpa dan dengan waktu tundaan dengan mengasumsikan bahwa virus akan ditularkan melalui kontak antara tanaman jeruk dan serangga menggunakan *Holling Type II*, menentukan analisis kestabilan dan simulasi model penyebaran CTV pada tanaman jeruk tanpa dan dengan waktu tundaan. Hal ini diperlukan untuk memperoleh alternatif mengendalikan penyebaran virus pada tanaman jeruk. Alternatif tersebut dapat dijadikan pertimbangan untuk tindakan yang tepat dalam menangani masalah yang ditimbulkan oleh penyebaran CTV tersebut.

KAJIAN TEORI

Virus pada Tanaman Jeruk

Tanaman jeruk merupakan salah satu tanaman dengan produksi buah terbesar di dunia. Di Indonesia

produksi jeruk pada tahun 1980-2009 rata-rata pertumbuhan sebesar 10,34% pertahun, namun pada tahun 2010-2014 rata-rata produksi jeruk menurun sebesar 1,49% pertahun.

Tanaman jeruk dapat terserang penyakit yang disebabkan oleh virus, misalnya Citrus Tristeza Virus (Silva, et al., 2012). Citrus Tristeza Virus merupakan penyakit pada tanaman jeruk yang paling merusak di seluruh dunia. Virus ini diperkenalkan dari Afrika ke Amerika pada tahun 1972 dan menyebabkan turunnya produksi jeruk di Argentina, Brazil dan Uruguay (Koizumi, 2001).

Serangga merupakan faktor utama penyebaran virus pada tanaman jeruk. Salah satu serangga yang menyebarkan Citrus Tristeza Virus yaitu kutu daun (*Toxoptera citricida*) (Mawassi, et al, 1996). *Toxoptera citricida* betina dapat menghasilkan populasi lebih dari 4.400 telur dalam jangka waktu 3 minggu tanpa adanya pemangsa alami. *Toxoptera citricida* dapat terkena virus karena menghisap cairan pada tanaman jeruk yang terinfeksi selama 5 – 60 menit, namun kehilangan kemampuan menularkan virus setelah 24 jam (Halbert and Brown).

Dampak yang diakibatkan Citrus Tristeza Virus pada tanaman jeruk sama dengan dampak yang disebabkan oleh virus pada umumnya dan secara ekonomi sangat merugikan. Dampak yang diakibatkan antara lain tanaman menjadi kerdil, klorosis pada daun, gugurnya bunga, penurunan jumlah produksi tanaman, dan ukuran buah hasil produksi tanaman menjadi kecil (Ferguson and Garnsey, 1993).

Kestabilan Titik Keseimbangan

Definisi 2.1

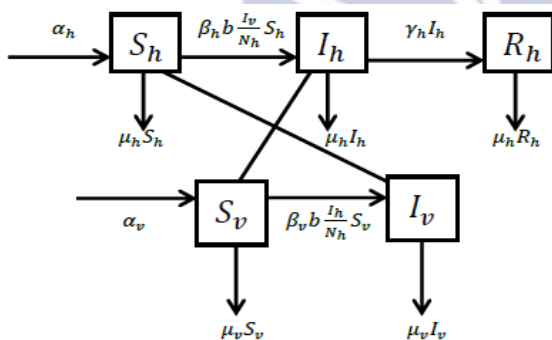
Diberikan persamaan diferensial orde satu $\dot{x} = f(x, t)$, $x(t, x_0)$ merupakan solusi sistem dengan nilai awal $x(0) = x_0$. Suatu vektor \bar{x} yang memenuhi $f(\bar{x}) = 0$ disebut titik kesetimbangan. Titik kesetimbangan \bar{x} dikatakan stabil jika untuk setiap $\varepsilon > 0$ terdapat $\delta > 0$, sehingga untuk $\|x_0 - \bar{x}\| < \delta$ berlaku $\|x(t, x_0) - \bar{x}\| < \varepsilon$, untuk setiap $t > 0$. Suatu titik kesetimbangan \bar{x} dikatakan stabil asimtotik jika \bar{x} stabil dan terdapat $\delta_1 > 0$, sehingga untuk

$\|x_0 - \bar{x}\| < \delta_1$ berlaku $\lim_{t \rightarrow \infty} \|x_0 - \bar{x}\| = 0$ (Olsder and Woude, 1994). Selain menggunakan definisi 2.1 kestabilan titik kesetimbangan sistem dapat ditentukan oleh bagian real dari nilai eigen matriks Jacobian dari persamaan karakteristik.

Model SIR-SI

Model epidemik adalah model yang digunakan untuk mengetahui penyebaran suatu penyakit didaerah tertentu. Model epidemik mempelajari keterkaitan individu-individu dalam penjangkitan wabah. Model epidemik SIR pertama kali diperkenalkan oleh W. O Kermack dan A. G. Mc Kendrick pada tahun 1927 (Zaman, 2008).

Dalam perkembangannya untuk mengetahui laju penyebaran dan kepunahan suatu demam dalam populasi dan bersifat epidemik, model SIR sebagai model dasar menjadi beberapa konstruksi model lain misalnya model SIR-SI. Diasumsikan bahwa penyebaran penyakit hanya disebabkan karena interaksi antara nyamuk yang terinfeksi dengan manusia yang rentan (Side and Noorani, 2011). Berikut diagram kompartemen untuk penyebaran demam berdarah:



Gambar 1. Diagram kompartemen penyebaran demam dengan model SIR-SI (Side and Noorani, 2011).

Diagram 1. dapat dinyatakan dalam sistem persamaan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= \alpha_h - \beta_h b \frac{I_v}{N_h} S_h - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \beta_h b \frac{I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= \gamma_h I_h - \mu_h R_h \end{aligned} \tag{1}$$

$\frac{dS_v}{dt} = \alpha_v - \beta_v b \frac{I_h}{N_h} S_v - \mu_v S_v$
 $\frac{dI_v}{dt} = \beta_v b \frac{I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v$
 dengan, $\frac{dS_h}{dt}$ = laju perubahan populasi manusia yang rentan pada waktu t , $\frac{dI_h}{dt}$ = laju perubahan populasi manusia yang terinfeksi pada waktu t , $\frac{dR_h}{dt}$ = laju perubahan populasi yang sembuh pada waktu t , $\frac{dS_v}{dt}$ = laju perubahan populasi nyamuk yang rentan pada waktu t , $\frac{dI_v}{dt}$

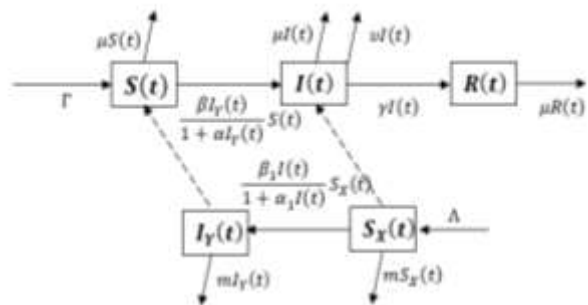
= laju perubahan populasi nyamuk yang terinfeksi pada waktu t , α_h = tingkat kelahiran manusia yang masuk ke populasi rentan, α_v = tingkat kelahiran nyamuk yang masuk ke populasi rentan, μ_h = tingkat kematian manusia, μ_v = tingkat kematian nyamuk, β_h = tingkat penularan penyakit dari nyamuk yang terinfeksi ke manusia yang rentan, β_v = tingkat penularan penyakit dari manusia yang terinfeksi ke nyamuk yang rentan, b = rata-rata banyak nyamuk yang menggigit manusia, γ_h = tingkat penyembuhan infeksi penyakit pada manusia, dan t = waktu (detik)

HASIL DAN PEMBAHASAN

Rekonstruksi Model Penyebaran CTV Tanpa dan Dengan Waktu Tundaan

Model SIR – $S_X I_Y$ untuk penyebaran Citrus Tristeza Virus (CTV) pada tanaman jeruk tanpa tundaan menggunakan 2 populasi, yaitu populasi tanaman jeruk dan populasi serangga. Model matematika yang digunakan dalam penyebaran virus pada tanaman jeruk melibatkan populasi tanaman jeruk K dan populasi serangga N . Populasi tanaman jeruk terdiri dari 3 subpopulasi yaitu subpopulasi tanaman jeruk yang rentan $S(t)$, terinfeksi $I(t)$ dan sembuh dari virus CTV $R(t)$. Sedangkan populasi serangga terdiri dari subpopulasi serangga yang rentan $S_X(t)$ dan terinfeksi $I_Y(t)$.

Interaksi antara tanaman jeruk dan serangga menyebabkan adanya penyebaran virus pada tanaman jeruk dan serangga. Interaksi tersebut menggunakan Holling Tipe II melalui dua cara yaitu penularan virus dari serangga ke tanaman jeruk dan penularan virus dari tanaman jeruk ke serangga. Dengan demikian diperoleh diagram kompartemen dari penyebaran CTV pada tanaman jeruk sebagai berikut:



Gambar 2. Diagram Kompartemen Diagram Kompartemen Penyebaran CTV pada Tanaman Jeruk

Dari rekonstruksi di atas diperoleh model matematika penyebaran CTV pada tanaman jeruk tanpa waktu tundaan sebagai berikut:

$$\frac{dS(t)}{dt} = \Gamma - \mu S(t) - \frac{\beta I_Y(t)}{1 + \alpha I_Y(t)} S(t)$$

Parameter	Keterangan	Nilai
K	Total populasi tanaman jeruk	50 – 1000
N	Total populasi serangga	50 – 100
β	Tingkat infeksi tanaman jeruk yang disebabkan serangga	0,01 – 0,02
β_1	Tingkat infeksi serangga yang disebabkan tanaman jeruk	0,01 – 0,02
α	Konstan saturasi dari tanaman jeruk yang disebabkan oleh serangga	0,2

$$\begin{aligned} \frac{dI(t)}{dt} &= \frac{\beta I_Y(t)}{1+\alpha I_Y(t)} S(t) - \nu I(t) - \mu I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) - \mu R(t) \\ \frac{dS_X(t)}{dt} &= \Lambda - \frac{\beta_1 I(t)}{1+\alpha_1 I(t)} S_X(t) - m S_X(t) \\ \frac{dI_Y(t)}{dt} &= \frac{\beta_1 I(t)}{1+\alpha_1 I(t)} S_X(t) - m I_Y(t) \end{aligned} \quad (2)$$

Sedangkan, rekonstruksi model penyebaran CTV pada tanaman jeruk juga dilakukan dengan menggunakan waktu tundaan. Berdasarkan asumsi bahwa waktu tundaan hanya dilakukan pada tanaman jeruk rentan, terinfeksi dan serangga terinfeksi karena dengan waktu tundaan diharapkan CTV dapat dihambat penyebarannya. Modelnya adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= \Gamma - \mu S(t) - \frac{\beta I_Y(t-\tau_1)}{1+\alpha I_Y(t-\tau_1)} S(t-\tau_1) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \frac{\beta I_Y(t-\tau_1)}{1+\alpha I_Y(t-\tau_1)} S(t-\tau_1) - \omega I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) - \mu R(t) \\ \frac{dS_X(t)}{dt} &= \Lambda - \frac{\beta_1 I(t)}{1+\alpha_1 I(t)} S_X(t) - m S_X(t) \\ \frac{dI_Y(t)}{dt} &= \frac{\beta_1 I(t-\tau_2)}{1+\alpha_1 I(t-\tau_2)} \left(\frac{\Lambda}{m} - I_Y(t-\tau_2) \right) - m I_Y(t) \end{aligned} \quad (3)$$

dimana, $\Gamma = \mu K + \nu I(t)$, $\Lambda = mX + mY$, dengan K = total populasi tanaman jeruk; N = total populasi serangga; $S(t)$ = populasi tanaman jeruk yang rentan; $I(t)$ = populasi tanaman jeruk yang terinfeksi CTV; $R(t)$ = populasi tanaman jeruk yang sembuh; $S_X(t)$ = populasi serangga yang rentan; $I_Y(t)$ = populasi serangga yang terinfeksi CTV; β = tingkat infeksi tanaman jeruk yang disebabkan serangga; β_1 = tingkat infeksi serangga yang

Tabel 1. Parameter Model (Jackson, 2016)

disebabkan tanaman jeruk; α = konstan saturasi dari tanaman jeruk yang disebabkan oleh serangga; α_1 = konstan saturasi dari serangga yang disebabkan tanaman jeruk; μ = tingkat kematian alami pada tanaman jeruk; m = tingkat kematian alami pada serangga; γ = tingkat penyembuhan pada tanaman jeruk; Λ = laju pertumbuhan populasi serangga (kelahiran atau imigrasi); Γ = laju pertumbuhan populasi tanaman jeruk; ν = angka kematian tanaman jeruk yang terinfeksi karena terkena virus.

Nilai parameter yang digunakan pada model penyebaran CTV pada tanaman jeruk adalah (Jackson, 2016):

α_1	Konstan saturasi dari serangga yang disebabkan oleh tanaman jeruk	0,1
μ	Tingkat kematian alami pada tanaman jeruk	0 – 0,1
m	Tingkat kematian alami pada serangga	0 – 0,5
γ	Tingkat pemulihan pada tanaman jeruk	0 – 0,25
Λ	Laju pertumbuhan populasi serangga (kelahiran atau imigrasi)	20
ν	Angka kematian tanaman jeruk yang terinfeksi karena terkena virus	0,2

Analisis Titik Keseimbangan

Penentuan titik keseimbangan pada model penyebaran CTV pada tanaman jeruk yaitu dengan membuat ruas kanan pada setiap persamaan (2) sama dengan nol. Sehingga diperoleh titik keseimbangan $\vec{E} = (\tilde{S}, \tilde{I}, \tilde{R}, \tilde{S}_X, \tilde{I}_Y)$, dimana,

$$\begin{aligned} \tilde{S} &= \frac{\Gamma(1+\alpha \tilde{I}_Y)}{\mu(1+\alpha \tilde{I}_Y) - \beta \tilde{I}_Y} \\ \tilde{I} &= 0 \text{ atau } \tilde{I} = \frac{\beta \beta_1 \tilde{S}_X - \omega}{m \omega \alpha_1 + \alpha \beta_1 \omega \tilde{S}_X} \\ \tilde{R} &= \frac{\gamma \tilde{I}}{\mu} \\ \tilde{S}_X &= \frac{\Lambda}{\left(\frac{\beta_1 \tilde{I}}{1+\alpha_1 \tilde{I}} + m \right)} \\ \tilde{I}_Y &= \frac{\beta_1 \tilde{I}(t)}{m(1+\alpha_1 \tilde{I}(t))} \tilde{S}_X \end{aligned}$$

dengan $\Gamma = \mu K + \nu \tilde{I}$, dan $\Lambda = mX + mY$. Karena terdapat 2 kondisi untuk $\tilde{I} = 0$ atau $\tilde{I} = \frac{\beta \beta_1 \tilde{S}_X - \omega}{m \omega \alpha_1 + \alpha \beta_1 \omega \tilde{S}_X}$ maka diperoleh 2 titik keseimbangan yaitu titik keseimbangan bebas penyakit dan titik keseimbangan endemik.

1. Titik keseimbangan bebas penyakit $E^0 = (S^0, I^0, R^0, S_X^0, I_Y^0)$, dimana

$$S^0 = \frac{\Gamma(1+\alpha \tilde{I}_Y)}{\mu(1+\alpha \tilde{I}_Y) - \beta \tilde{I}_Y}; I^0 = 0; R^0 = \frac{\gamma I^0}{\mu};$$

$$S_X^0 = \frac{\Lambda}{\left(\frac{\beta_1 I^0}{1+\alpha_1 I^0} + m \right)}; I_Y^0 = \frac{\beta_1 I^0 S_X^0}{m(1+\alpha_1 I^0)}.$$

dengan $\Gamma = \mu K + \nu I(t)$. Dengan mensubstitusikan nilai parameter diperoleh $E^0 = (S^0, I^0, R^0, S_X^0, I_Y^0) = (K; 0; 0; N; 0)$

2. Dengan mengasumsikan $S \neq 0, I \neq 0, R \neq 0, S_X \neq 0, I_Y \neq 0$. Titik keseimbangan endemik dinotasikan dengan $E^* = (S^*; I^*; R^*; S_X^*; I_Y^*)$, dengan

$$S^* = \frac{\Gamma(1+\alpha I_Y^*)}{\mu(1+\alpha I_Y^*) - \beta I_Y^*}; I^* = \frac{\beta \beta_1 S_X^* - \omega}{m\omega\alpha_1 + \alpha\beta_1\omega S_X^*}; R^* = \frac{\gamma I^*}{\mu};$$

$$S_X^* = \frac{\Lambda}{\left(\frac{\beta_1 I^*}{(1+\alpha_1 I^*)} + m\right)}; I_Y^* = \frac{\beta_1 I^*}{m(1+\alpha_1 I^*)} S_X^*.$$

Karena titik kesetimbangan endemik bergantung terhadap I^* , maka berdasarkan artikel utama diperoleh nilai $I^* = 2,66$ yang berarti jumlah populasi tanaman jeruk yang terinfeksi CTV sebanyak 2,66 tanaman. Sehingga dengan mensubstitusikan nilai parameter diperoleh titik kesetimbangan endemik dari penyebaran CTV $E^* = (S^*, I^*, R^*, S_X^*, I_Y^*) = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23; 0,33)$.

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (ρ) digunakan untuk mengetahui tingkat penyebaran penyakit. Menentukan bilangan reproduksi dasar (ρ) menggunakan *next generation matrix*. Yang terdiri dari matriks F merupakan matriks yang terdiri dari \mathcal{F}_i menunjukkan tingkat infeksi baru pada kompartemen berbeda dan V terdiri dari \mathcal{V}_i yang menunjukkan tingkat perpindahan dari satu kompartemen ke kompartemen lainnya.

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta S^0}{1+\alpha V^0} \\ \frac{\beta_1 \Lambda}{m(1+\alpha_1 I^0)} & 0 \end{pmatrix}, V = \begin{pmatrix} \omega & 0 \\ 0 & m \end{pmatrix}$$

Diperoleh bilangan reproduksi dasar sebagai berikut :

$$\rho = \sqrt{\frac{\beta \beta_1 \Lambda K}{m^2 \omega}}$$

Berdasarkan ketentuan bilangan reproduksi dasar jika $\rho < 1$, maka virus tidak menyebar dengan $m > 0,30$ dan jika $\rho > 1$, maka terjadi keadaan endemik dengan $m < 0,30$.

Linierisasi Model Tanpa Waktu Tundaan

1. Bentuk linier disekitar titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0 = (S^0; I^0; R^0; S_X^0; I_Y^0)$

$$\frac{dS}{dt} = \left(-\mu - \frac{\beta I_Y^0}{1+\alpha I_Y^0}\right) S + \nu I - \frac{\beta S^0}{(1+\alpha I_Y^0)^2} I_Y$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta I_Y^0}{1+\alpha I_Y^0} S - \omega I + \frac{\beta S^0}{(1+\alpha I_Y^0)^2} I_Y$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \tag{3}$$

$$\frac{dS_X}{dt} = \left(-\frac{\beta_1 I_Y^0}{(1+\alpha_1 I^0)^2}\right) I - \left(\frac{\beta_1 I^0}{1+\alpha_1 I^0} + m\right) S_X$$

$$\frac{dI_Y}{dt} = \frac{\beta_1 I_Y^0}{(1+\alpha_1 I^0)^2} I + \frac{\beta_1 I^0}{1+\alpha_1 I^0} S_X - m I_Y$$

Berdasarkan persamaan (3) diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut :

$$J = \begin{pmatrix} -\mu - \frac{\beta I_Y^0}{1+\alpha I_Y^0} & \nu & 0 & 0 & -\frac{\beta S^0}{(1+\alpha I_Y^0)^2} \\ \frac{\beta I_Y^0}{1+\alpha I_Y^0} & -\omega & 0 & 0 & \frac{\beta S^0}{(1+\alpha I_Y^0)^2} \\ 0 & \gamma & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{\beta_1 S_X^0}{(1+\alpha_1 I^0)^2} & 0 & -\frac{\beta_1 I^0}{1+\alpha_1 I^0} - m & 0 \\ 0 & \frac{\beta_1 S_X^0}{(1+\alpha_1 I^0)^2} & 0 & \frac{\beta_1 I^0}{1+\alpha_1 I^0} & -m \end{pmatrix} \tag{4}$$

2. Bentuk linier pada model di sekitar titik kesetimbangan endemik $E^* = (S^*; I^*; R^*; S_X^*; I_Y^*)$

$$\frac{dS}{dt} = \left(-\mu - \frac{\beta I_Y^*}{1+\alpha I_Y^*}\right) S + \nu I - \frac{\beta S^*}{(1+\alpha I_Y^*)^2} I_Y$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta I_Y^*}{1+\alpha I_Y^*} S - \omega I + \frac{\beta S^*}{(1+\alpha I_Y^*)^2} I_Y$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \tag{5}$$

$$\frac{dS_X}{dt} = \left(-\frac{\beta_1 S_X^*}{(1+\alpha_1 I^*)^2}\right) I - \left(\frac{\beta_1 I^*}{1+\alpha_1 I^*} + m\right) S_X$$

$$\frac{dI_Y}{dt} = \frac{\beta_1 S_X^*}{(1+\alpha_1 I^*)^2} I + \frac{\beta_1 I^*}{1+\alpha_1 I^*} S_X - m I_Y$$

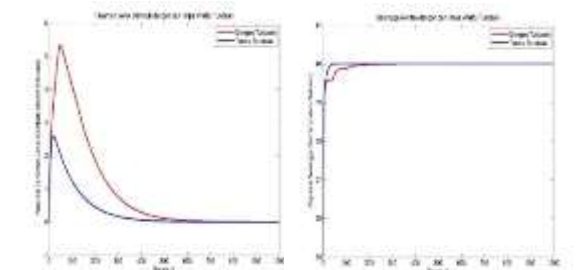
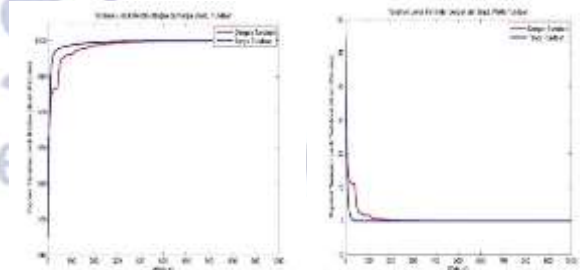
Berdasarkan persamaan (5) diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut:

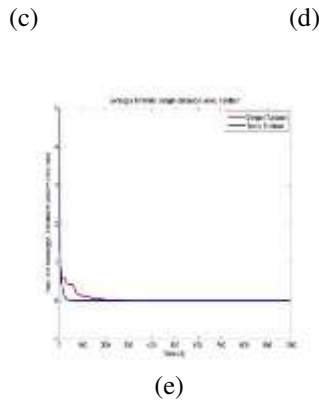
$$J = \begin{pmatrix} -\mu - \frac{\beta I_Y^*}{1+\alpha I_Y^*} & \nu & 0 & 0 & -\frac{\beta S^*}{(1+\alpha I_Y^*)^2} \\ \frac{\beta I_Y^*}{1+\alpha I_Y^*} & -\omega & 0 & 0 & \frac{\beta S^*}{(1+\alpha I_Y^*)^2} \\ 0 & \gamma & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{\beta_1 S_X^*}{(1+\alpha_1 I^*)^2} & 0 & -\frac{\beta_1 I^*}{1+\alpha_1 I^*} - m & 0 \\ 0 & \frac{\beta_1 S_X^*}{(1+\alpha_1 I^*)^2} & 0 & \frac{\beta_1 I^*}{1+\alpha_1 I^*} & -m \end{pmatrix} \tag{6}$$

Simulasi Model Penyebaran CTV Tanpa dan Dengan Waktu Tundaan

Model penyebaran CTV menggunakan persamaan (2), Simulasi menggunakan 2 nilai yang berbeda untuk tingkat kematian serangga yaitu $m = 0,5$ dan $m = 0,25$. Selanjutnya, dengan menggunakan Matlab R2012b simulasinya ditunjukkan sebagai berikut:

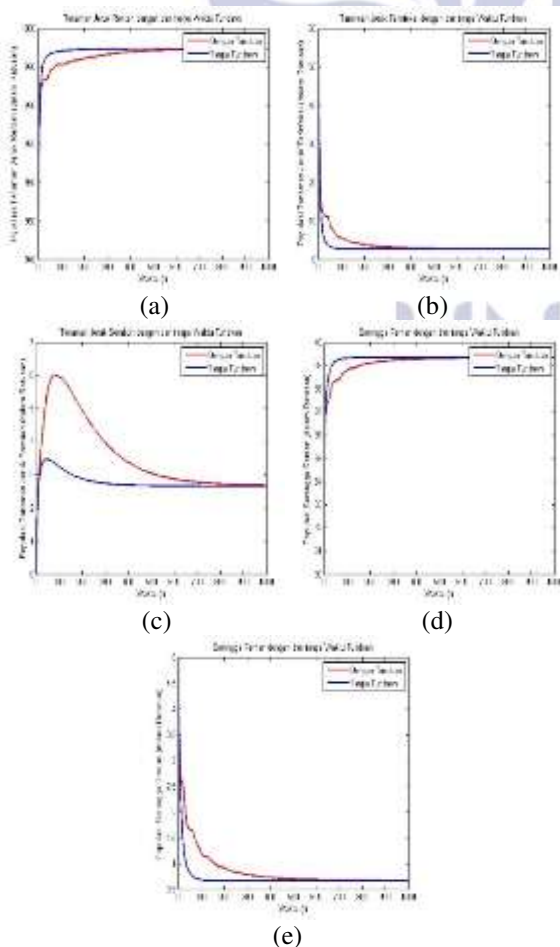
1. Simulasi Model Tanpa dan Dengan Waktu Tundaan Bebas Penyakit dengan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit E^0 . Simulasi model tanpa dan dengan waktu tundaan bebas penyakit terhadap titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0 = (1000; 0; 0; 40; 0)$ dengan populasi tanaman jeruk $K = 1000$ dan populasi serangga $N = 40$. Dengan memilih nilai awal $(945; 55; 0; 35; 5)$, $\tau_1 = 40$, $\tau_2 = 18$ dan $m = 0,5$ diperoleh simulasi sebagai berikut:





Gambar 3. Grafik Perubahan Populasi (a) Tanaman Jeruk Rentan, (b) Tanaman Jeruk Terinfeksi, (c) Tanaman Jeruk Terinfeksi, (d) Serangga Rentan, dan (e) Serangga Terinfeksi dengan $m = 0,5$

2. Simulasi Model Tanpa Waktu Tundaan Endemik dengan Titik Kesetimbangan Endemik E^* . Simulasi model tanpa waktu tundaan endemik terhadap titik kesetimbangan endemik $E^* = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23; 0,77)$ dengan populasi tanaman jeruk $K = 1000$ dan populasi serangga $N = 40$. Dengan memilih nilai awal $(945; 55; 0; 35; 5)$, $\tau_1 = 40$, $\tau_2 = 18$, dan $m = 0,25$ diperoleh simulasi model penyebaran CTV tanpa dan dengan waktu tundaan sebagai berikut:



Gambar 4. Grafik Perubahan Populasi (a) Tanaman Jeruk Rentan, (b) Tanaman Jeruk Terinfeksi, (c) Tanaman Jeruk Terinfeksi, (d) Serangga Rentan, dan (e) Serangga Terinfeksi dengan $m = 0,25$

Berdasarkan Gambar 3. dan Gambar 4., grafik berwarna biru menunjukkan grafik model tanpa waktu tundaan dan grafik berwarna merah merupakan grafik dengan waktu tundaan. Pada grafik terlihat dengan menggunakan waktu tundaan populasi tanaman jeruk yang sembuh lebih banyak dibandingkan tanpa waktu tundaan. Dengan menerapkan waktu tundaan, dapat disimpulkan bahwa penyebaran CTV pada tanaman jeruk dapat dihambat dengan mempercepat panen sebelum tanaman jeruk terinfeksi virus, sehingga panen buah jeruk dapat lebih baik dibandingkan tanpa waktu tundaan.

Analisis Kestabilan Tanpa dan Dengan Waktu Tundaan

1. Kestabilan Model Tanpa Waktu Tundaan Bebas Penyakit dengan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit $E^0 = (S^0; I^0; R^0; S_X^0; I_Y^0)$

Berdasarkan matriks J pada persamaan (4) dengan mensubstitusikan nilai parameter dan titik kesetimbangan bebas penyakit diperoleh

$$J = \begin{pmatrix} -0,01 & 0,2 & 0 & 0 & -1 \\ 0 & -0,22 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0,01 & -0,01 & 0 & 0 \\ 0 & -0,04 & 0 & -0,5 & 0 \\ 0 & 0,04 & 0 & 0 & -0,5 \end{pmatrix}$$

diperoleh nilai eigennya adalah sebagai berikut:

$\lambda_1 = -0,01, \lambda_2 = -0,01, \lambda_3 = -0,50, \lambda_4 = -0,12$ dan $\lambda_5 = -0,60$. Berdasarkan nilai eigen diperoleh model penyebaran CTV pada tanaman jeruk stabil asimtotik.

2. Kestabilan Model Tanpa Waktu Tundaan Endemik dengan Titik Kesetimbangan Endemik $E^* = (S^*; I^*; R^*; S_X^*; I_Y^*)$

Berdasarkan matriks J pada persamaan (5) dengan mensubstitusikan nilai parameter dan titik kesetimbangan endemik diperoleh $\lambda_1 = -0,01, \lambda_2 = -0,38, \lambda_3 = -0,09, \lambda_4 = -0,02, \lambda_5 = -0,25$. Berdasarkan nilai eigen diperoleh model penyebaran CTV pada tanaman jeruk stabil asimtotik.

Selain itu analisis kestabilan dapat ditentukan dengan definisi 2.1, karena solusi analitik pada setiap populasi tidak mudah diperoleh maka penentuan titik kestabilan menggunakan galat. Jika untuk $t \rightarrow \infty$, galat pada setiap populasi mendekati nol. Sehingga, model penyebaran CTV tanpa dan dengan waktu tundaan stabil asimtotik.

SIMPULAN

Rekonstruksi model penyebaran CTV tanpa dan dengan waktu tundaan berdasarkan model $SIR - S_X I_Y$. Populasi tanaman jeruk terdiri dari subpopulasi tanaman jeruk rentan $S(t)$, terinfeksi $I(t)$, dan sembuh $R(t)$. Sedangkan populasi serangga terdiri dari subpopulasi serangga rentan $S_X(t)$ dan terinfeksi $I_Y(t)$. Model penyebaran CTV memiliki 2 titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan

bebas penyakit $E^0 = (1000, 0, 0, 40, 0)$ dan titik kesetimbangan endemik $E^* = (994,68; 2,66; 2,66; 39,23;$

0,77). Analisis kestabilan model tanpa waktu tundaan menggunakan nilai eigen diperoleh bahwa model stabil asimtotik dan berdasarkan definisi 2.1, model penyebaran CTV tanpa dan dengan waktu tundaan diperoleh model stabil asimtotik. Selain itu, bilangan reproduksi dasar (ρ) ditentukan untuk nilai parameter m , dengan $m \geq 0,30$ untuk keadaan bebas penyakit dan $m < 0,30$ untuk keadaan endemik. Simulasi model tanpa dan dengan waktu tundaan dengan $m = 0,5$ untuk keadaan bebas penyakit dan $m = 0,25$ untuk keadaan endemik, populasi stabil dan tidak mengalami perubahan populasi menuju ketitik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik. Dengan menerapkan waktu tundaan, dapat disimpulkan bahwa penyebaran CTV pada tanaman jeruk dapat dihambat dengan mempercepat panen sebelum tanaman jeruk terinfeksi virus, sehingga panen buah jeruk dapat lebih baik dibandingkan tanpa waktu tundaan.

DAFTAR PUSTAKA

- Ferguson, J., & Garnsey, S. (1993). Citrus Viruses and Virus-Like Diseases. Circular 1131, pp. 1-12.
- Halbert, S. E., & Brown, L. G. 2011. Brown Citrus Aphid, *Toxoptera citricida* (Kirkaldy) (Insecta: Hemiptera: Aphididae). Florida: University of Florida .
- Jackson, Mark and Charpentie, Benito M. Chen. 2016. "Modelling Plant Virus Propagation with Delays ." Elsevier. Hal. 611-621.
- Koizumi, M. 2001. Citrus Tristeza Virus : Symptoms and Control. Jepang : Food and Fertilizer Technology Center.
- Mawassi, M., Mietkiewska, E., Gofman, R., Yang, G., & Bar-Joseph, M. 1996. Unusual Sequence Relationships Between Two Isolates of Citrus Tristeza Virus. *Journal of General Virology*, 2359-2364.
- Olsder, G. J., and Woude, J. W. van der. 2004. *Mathematical System Theory*. Netherland: VVSD.
- Side, S., and S. M. Noorani. 2011. "A SIR Model for Spread of Dengue Fever Disease (Simulation for South Sulawesi, Indonesia, and Selangor, Malaysia)." *Worlds Journal of Modelling and Simualtion*. Vol. 9 (2): 96-105.
- Silva, G., Marques, N., & Nolasco, G. 2012. The Evolutionary Rate of Citrus Tristeza Virus Ranks Among the Rates of The Lowest RNA Viruses. *Journal of General Virology*, 419-429.
- Zaman, G.. 2008. "Stability Analysis and Optimal Vaccination of an SIR Epidemic Model." *Biosystems*. Hal. 400-249.