

Analisis Model Matematika Penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan Fungsi Lyapunov

Syafruddin Side¹, Ahmad Zaki¹ dan Nurwahidah Sari^{1, a)}

¹Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Makassar, 90224

^{a)}nurwahidahsari@gmail.com

Abstrak. *Artike lini adalah penelitian teori dan terapan. Artikelini bertujuan untuk membahas mengenai model matematika SIRS untuk penyebaran Demam Berdarah Dengue. Data yang digunakan adalah data sekunder jumlah penderita penyakit Demam Berdarah Dengue dari Side pada tahun 2014. Pembahasan di mulai dari membangun model matematika SIRS penyakit Demam Berdarah Dengue, menentukan eksistensi model SIRS menggunakan fungsi Lyapunov, penentuan titik ekuilibrium, kemudian mencari analisis kestabilan titik ekuilibrium menggunakan fungsi Lyapunov, menentukan nilai bilangan reproduksi dasar (R_0), membuat simulasi model, dan menginterpretasikannya. Dalam artikel ini diperoleh model matematika SIRS untuk penyakit Demam Berdarah Dengue, eksistensi model SIRS, dua titik ekuilibrium bebas penyakit dan endemik dari model SIRS, kestabilan global keseimbangan bebas penyakit dan endemik dari model SIRS dengan nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 = 26,4760953$, ini menunjukkan bahwa penyakit Demam Berdarah Dengue berstatus epidemik.*

Kata Kunci: *Model Matematika, Penyebaran Penyakit, Demam Berdarah Dengue, Model SIRS, Fungsi Lyapunov*

Abstract. *This paper is theoretical and applied research. This paper aims to discuss about SIRS mathematical models for the spread of dengue fever. The data used is a secondary data about the number of people with dengue fever disease from Side (2014). The discussion start from constructing SIRS models of dengue fever disease, determining the existence of SIRS models using Lyapunov function, determining equilibrium point, then looking for stability analysis of equilibrium point using Lyapunov function, determining reproduction number (R_0), making models simulation, and interpreting it. In this paper, we obtained mathematical models of SIRS for dengue fever disease, existence of SIRS models, disease-free and endemic equilibrium points of SIRS models, global stability of disease-free and endemic equilibrium of SIRS models with basic reproduction number $R_0 = 26,4760953$, it shows that dengue fever disease is epidemic status. $R_0 = 26,4760953$, This shows that Dengue Hemorrhagic Fever is an epidemic.*

Keyword: *Mathematical Model, Spread of Disease, Dengue Fever, SIRS Model, Lyapunov Function*

PENDAHULUAN

Model matematika merupakan sekumpulan persamaan atau pertidaksamaan yang mengungkapkan perilaku suatu permasalahan yang nyata. Model matematika yang dibuat berdasarkan asumsi-asumsi (Maesaroh, 2013). Model matematika yang telah dibentuk akan dilakukan analisis, agar model yang dibuat representatif terhadap permasalahan yang dibahas.

Banyak permasalahan yang timbul dari berbagai bidang ilmu, misalnya bidang kesehatan, kimia, biologi, dan lain-lain yang dapat dibuat model matematikanya (Maesaroh, 2013).

Model matematika untuk menganalisis penyebaran penyakit diantaranya ada model epidemi SIR (Susceptible-Infected-Recovered), SEIR (Susceptible-Exposed-Infected-Recovered), dan lainnya (Roni, 2011).

Model matematika penyebaran penyakit demam berdarah dengue yang dibahas dalam artikel ini adalah model epidemi SIRS. Model epidemi SIRS (Susceptible-Infective-Recovered-Susceptible) merupakan model penyebaran penyakit yang membagi populasi menjadi tiga subpopulasi, yaitu subpopulasi individu rentan (Susceptible), subpopulasi individu terinfeksi (Infective), dan subpopulasi individu sembuh (Recovered). Model epidemi SIRS merupakan suatu pengembangan dari model klasik SIR yang telah dikemukakan oleh Hethcote pada tahun 1976 dan 1989. Model epidemi SIR mengasumsikan bahwa individu yang sembuh dari penyakit tidak akan terjangkit penyakit lagi, sedangkan model SIRS mewakili suatu situasi ketika individu yang pernah terinfeksi dan sembuh tidak memperoleh kekebalan terhadap penyakit, sehingga kembali menjadi individu yang rentan untuk terjangkit kembali (Rohmah & Kusumaniwahyu, 2014).

Kestabilan dari suatu system merupakan hal yang sangat penting untuk diketahui sehingga harus diperiksa secara teliti. Akan tetapi, menentukan kestabilan suatu system bukan hal yang mudah, terutama pada sistem nonlinear. Metode Lyapunov merupakan salah satu metode yang efektif dalam menentukan kestabilan sistem nonlinear (Ginting, 2014).

Virus demam berdarah dengue dibawa oleh dua jenis nyamuk yang disebut sebagai *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* yang menyebarkan penyakit melalui gigitan mereka. Menurut WHO (2009), *Aedes albopictus* telah ditemukan di Asia dan kehadirannya telah terdeteksi dalam beberapa tahun terakhir. Namun, *Aedes aegypti* masih menjadi vector utama penularan virus dengue. Fakta lain yang menarik adalah pergeseran fenomena pasien dimana demam berdarah sebelumnya menyerang anak-anak usia dini, tetapi sekarang semua orang rentan terhadap demam berdarah dengue (WHO, 2009). Menurut Dr. Mozes demam berdarah disebabkan oleh empat jenis serotype virus yang terkait atau dapat dikatakan dalam satu keluarga virus dengue yaitu virus 1 (DEN1), virus 2 (DEN2), virus 3 (DEN3) dan virus 4 (DEN4). Tubuh mempunyai mekanisme membangun kekebalan pada virus dengue setelah pernah terinfeksi, kekebalan pada salah satu serotipe belum tentu pada serotipe lain. Kembali tertularnya seseorang yang sembuh dari demam berdarah dengue disebut secondary infection, maka mantan pasien demam berdarah dengue harus tetap waspada dan tak bisa hanya mengandalkan sistem kekebalan tubuh (Kompas, 2016).

Beberapa peneliti dan analisis model matematika untuk penyakit demam berdarah dengue telah banyak dilakukan diantaranya Aini dan Shodikin yang membahas tentang analisis kestabilan dan simulasi model penyakit DBD, dan Side & Noorani yang membahas tentang Fungsi Lyapunov Model SIR dan SEIR untuk Penularan Penyakit Demam Berdarah.

Pada artikel ini dibahas mengenai analisis model matematika penyebaran demam berdarah dengue dengan fungsi lyapunov. Pengambilan data penelitian dalam artikel ini berasal dari penelitian sebelumnya (Side, 2014), membangun model SIRS, menganalisis kestabilan model SIRS dengan fungsi lyapunov, dan melakukan simulasi dari model SIRS pada penyebaran penyakit demam berdarah dengue.

Artikel ini bertujuan untuk mengetahui langkah-langkah membuat model dan mengetahui model matematika penyakit demam berdarah dengue, mengetahui analisis model dan analisis kestabilan model dengan menggunakan fungsi lyapunov, menginterpretasikan model dengan melakukan simulasi model.

Model SIRS

Model epidemi SIRS (*Susceptible-Infected-Recovered-Susceptible*) merupakan model penyebaran penyakit yang membagi populasi menjadi tiga subpopulasi, yaitu subpopulasi individu rentan (*Susceptible*), subpopulasi individu terinfeksi (*Infected*), dan subpopulasi individu sembuh (*Recovered*). Model epidemi SIRS merupakan suatu pengembangan dari model klasik *SIR*. Model epidemi *SIR* mengasumsikan bahwa individu yang sembuh dari penyakit tidak akan terjangkit penyakit lagi, sedangkan model SIRS mewakili suatu situasi ketika individu yang pernah terinfeksi dan sembuh tidak memperoleh kekebalan terhadap penyakit, sehingga kembali menjadi individu yang rentan untuk terjangkit kembali (Rohmah & Kusumani wahyu, 2014).

Persamaan Diferensial Biasa Nonlinear

Diberikan system persamaan diferensial nonlinear :

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= f_1(x_1, x_2, \dots, x_n), \\ \dot{x}_2 &= f_2(x_1, x_2, \dots, x_n), \\ &\vdots \\ \dot{x}_n &= f_n(x_1, x_2, \dots, x_n) \end{aligned} \tag{1}$$

dengan kondisi awal $x_i(t_0) = x_0, i = 1, 2, \dots, n$

Sistem persamaan (1) dapat ditulis sebagai :

$$\dot{x} = f(x) \tag{2}$$

dengan $x = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in R^n, f = (f_1, f_2, \dots, f_n)^T$, dan kondisi awal $x(t_0) = x_0 = (x_{10}, x_{20}, \dots, x_{n0}) \in R^n$. Selanjutnya notasi $x(t) = x(x_0, t)$ menyatakan solusi sistem (2) yang melalui x_0 (Campbell & Haberman, 2008).

Titik Ekuilibrium

Titik $\hat{x} \in R^n$ disebut titik ekuilibrium (titik keseimbangan) sistem (2) jika $f(\hat{x}) = 0$ (Perko, 2001).

Kestabilan

Diberikan $\hat{x} \in R^n$ titik ekuilibrium sistem (3)

1. Titik ekuilibrium \hat{x} dikatakan stabil lokal jika untuk setiap bilangan $\varepsilon > 0$, terdapat bilangan $\delta = \delta(\varepsilon) > 0$, sedemikian sehingga untuk setiap solusi $x(t)$ yang memenuhi $\|x(t_0) - \hat{x}\| < \delta$ berlaku $\|x(t) - \hat{x}\| < \varepsilon$, untuk setiap $t \geq t_0$.
2. Titik ekuilibrium \hat{x} dikatakan stabil asimtotik lokal, jika titik ekuilibrium \hat{x} stabil dan jika terdapat $\delta_0 > 0$, sehingga untuk setiap solusi $x(t)$ yang memenuhi $\|x(t_0) - \hat{x}\| < \delta_0$ berlaku $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = \hat{x}$.
3. Suatu titik ekuilibrium \hat{x} dikatakan tak stabil, jika tidak dipenuhi (i) (Perko, 2001).

Linearisasi

Diberikan \hat{x} titik ekuilibrium sistem $\dot{x} = f(x)$ sistem $\hat{x} = J(f(\hat{x}))x$ disebut linearisasi dari system $\dot{x} = f(x)$ disekitar \hat{x} (Olsder & Woude, 2004).

Matriks Jacobian

Diberikan $f = (f_1, f_2, \dots, f_n)$ pada sistem (2) dengan $f_i \in C^1(E), i = 1, 2, \dots, n$

$$\text{Matriks } J(f(x)) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(x) & \frac{\partial f_1}{\partial x_2}(x) \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n}(x) \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1}(x) & \frac{\partial f_2}{\partial x_2}(x) \cdots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n}(x) \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1}(x) & \frac{\partial f_n}{\partial x_2}(x) \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n}(x) \end{bmatrix}$$

Dinamakan matriks Jacobian dari f dititik x [10].

Nilai Eigen dan Vektor Eigen

Diberikan matriks koefisien konstan A berukuran $n \times n$ dan sistem persamaan diferensial biasa homogen $\dot{x} = Ax, x(0) = x_0, x \in R^n$. Suatu vektor tak nol x di dalam R^n disebut vektor eigen dari A jika untuk suatu skalar λ berlaku:

$$Ax = \lambda x \quad (3)$$

Nilai skalar λ dinamakan nilai eigen dari A . Untuk mencari nilai λ dari A , maka sistem persamaan (4) dapat ditulis:

$$(A - \lambda I)x = 0 \quad (4)$$

Dengan I adalah matriks identitas. Sistem persamaan (4) mempunyai solusi tak nol jika dan hanya jika

$$P(\lambda) = |A - \lambda I| = 0 \quad (5)$$

Persamaan (5) merupakan persamaan karakteristik matriks A (Anton, 2000).

Kriteria Routh-Hurwitz

Diberikan polynomial berderajat n . $P(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + \dots + a_n$, dengan koefisien bilangan real $a_i > 0, i = 1, 2, \dots, n$ (Olsder & Woude, 2004).

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar merupakan bilangan yang menunjukkan jumlah individu rentan yang dapat menderita penyakit yang disebabkan oleh satu individu terinfeksi. Bilangan tersebut diperlukan sebagai parameter untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu penyakit. Bilangan reproduksi dasar diperoleh dengan menentukan nilai eigen dari matriks Jacobian dari suatu sistem persamaan (model) yang dihitung pada titik equilibrium bebas penyakit. Bilangan reproduksi dasar dilambangkan dengan R_0 . Beberapa kondisi yang akan timbul, yaitu :

1. Jika $R_0 < 1$, maka penyakit akan menghilang.
2. Jika $R_0 = 1$, maka penyakit akan menetap.
3. Jika $R_0 > 1$, maka penyakit akan meningkat menjadi wabah (Mulisi, 2011).

Fungsi Lyapunov

Kestabilan dari suatu sistem merupakan hal yang sangat penting untuk diketahui sehingga harus diperiksa secara teliti. Akan tetapi, menentukan kestabilan suatu sistem bukan hal yang mudah, terutama pada sistem nonlinear. Metode Lyapunov merupakan salah satu metode yang efektif dalam menentukan kestabilan sistem nonlinear (Ginting, 2014).

Berikut diberikan beberapa fungsi Lyapunov:

1. Fungsi Lyapunov Logaritma diperkenalkan oleh Goh untuk Sistem Lokta Volterra

$$L(x_1, x_2, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n c_i \left(x_i - x_i^* - x_i^* \ln \frac{x_i}{x_i^*} \right)$$

2. Fungsi Lyapunov kuadratik bersama (*common quadratic Lyapunov functions*)

$$V(x_1, x_2, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n \frac{c_i}{2} (x_i - x_i^*)^2$$

3. Fungsi Lyapunov kuadratik komposit (*composite quadratic function*)

$$W(x_1, x_2, \dots, x_n) = \frac{c}{2} [\sum_{i=1}^n (x_i - x_i^*)]^2 \text{ (Luenberger, 1979).}$$

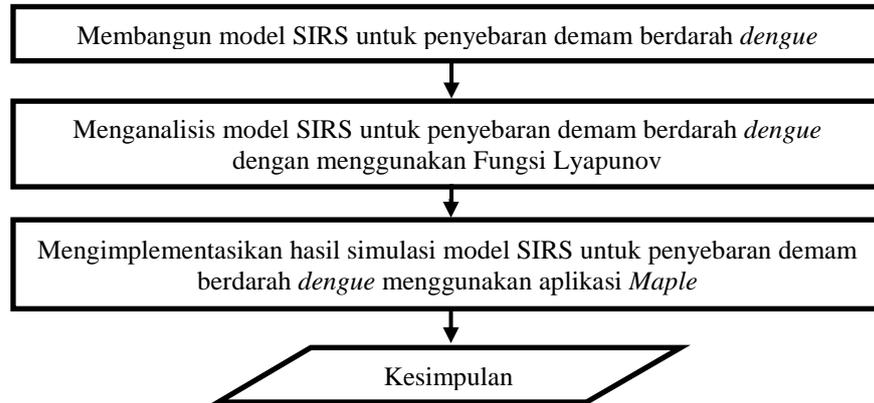
METODE PENELITIAN

Penelitian yang dilakukan merupakan jenis penelitian kajian teori dan terapan. Yaitu, dengan mengkaji literatur-literatur yang berhubungan dengan pemodelan matematika yang dapat digunakan untuk memecahkan masalah dengan terlebih dahulu menyuun konsep-konsep sesuai kebutuhan mengenai persamaan diferensial yang bertujuan untuk membentuk, menganalisis, dan melakukan simulasi untuk model matematika penyebaran demam berdarah *dengue* dengan fungsi lyapunov. Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder jumlah penderita penyakit demam berdarah *dengue* dari penelitian Side pada tahun 2014.

Adapun langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Membangun model SIRS untuk penyebaran demam berdarah *dengue*.
 - a. Mengasumsikan variabel dan parameter model SIRS.
 - b. Membentuk model SIRS.
2. Menganalisis model SIRS untuk penyebaran demam berdarah *dengue* dengan menggunakan fungsi Lyapunov.
 - a. Menganalisis eksistensi model SIRS menggunakan fungsi Lyapunov.
 - b. Menganalisis kestabilan global model SIRS
 - 1) Menentukan titik tetap model SIRS.
 - 2) Menentukan matriks Jacobian dari model SIRS.
 - 3) Menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari model SIRS.
 - 4) Menganalisis kestabilan global keseimbangan bebas penyakit model SIRS menggunakan fungsi Lyapunov.
 - 5) Menganalisis kestabilan global keseimbangan epidemik model SIRS menggunakan fungsi Lyapunov.
3. Mengimplementasikan hasil simulasi model SIRS untuk penyebaran demam berdarah *dengue* menggunakan aplikasi *Maple*.
 - a. Mensubstitusikan data sekunder berupa nilai parameter yang diperoleh dari jurnal penelitian yang dilakukan oleh Side pada tahun 2014.
 - b. Mengolah data dengan menggunakan bantuan *software Maple*.
 - c. Menganalisis hasil simulasi.
 - d. Menarik kesimpulan yang diperoleh dari hasil pemecahan masalah sebagai jawaban atas permasalahan yang dirumuskan.

Berdasarkan prosedur penelitian di atas maka dibentuk alur atau skema penelitian sebagai berikut:



GAMBAR 1. Skema Penelitian

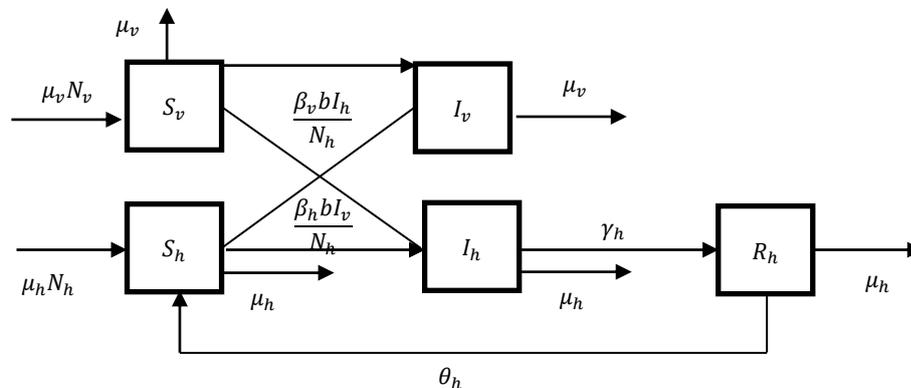
HASIL DAN PEMBAHASAN

Model SIRS untuk Penyebaran Demam Berdarah *Dengue*

Dalam model penyebaran demam berdarah dengue ini populasi manusia dibagi menjadi 3 kelas, yaitu kelas rentan/susceptible (S_h) yang menyatakan kelas individu yang belum terjangkit penyakit demam berdarah dengue dan berpotensi terkena penyakit tersebut, kelas terinfeksi/infectious (I_h) yang menyatakan kelas individu yang terinfeksi oleh virus demam berdarah dengue dan memiliki kemampuan menularkan virus dengue tersebut kepada vektor 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).

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 ke dalam kelas rentan, setiap individu yang terdapat dalam populasi memiliki kemungkinan yang sama untuk tergigit nyamuk, tingkat gigitan nyamuk terinfeksi lebih tinggi daripada nyamuk rentan, setiap individu yang telah sembuh memiliki kemungkinan terinfeksi kembali sehingga masuk kembali ke dalam kelas rentan.

Perubahan yang terjadi pada setiap grup manusia dan nyamuk dapat ditafsirkan dalam bentuk Gambar 2.



GAMBAR 2. Skema Populasi Manusia dan Vektor Model SIRS

Gambar 2 dapat ditafsirkan dalam bentuk model matematika yaitu model interaksi Hos-Vektor yang merupakan persamaan differensial tidak linear sebagai berikut:

Populasi manusia

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h + \theta_h R_h \quad (6)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \quad (7)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma_h I_h - (\mu_h + \theta_h) R_h \quad (8)$$

Populasi vektor

$$\frac{dS_v}{dt} = \mu_v N_v - \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v \quad (9)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v \quad (10)$$

Analisis Model SIRS untuk Penyebaran Demam Berdarah *Dengue*

Analisis kestabilan Model SIRS

Eksistensi Model SIRS

Perubahan yang terjadi dalam setiap populasi manusia dan nyamuk dapat ditafsirkan sebagai model matematika dari interaksi *host-vector* yang merupakan persamaan diferensial non-linear sebagai berikut:

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h + \theta_h R_h$$

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

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma_h I_h - (\mu_h + \theta_h) R_h \quad (11)$$

$$\frac{dS_v}{dt} = \mu_v N_v - \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v$$

Semua variabel dan parameter model adalah non-negatif dan dapat dilihat dengan mudah pada sistem persamaan (11), *octant* non-negatif R_+^5 adalah positif invarian. Berdasarkan sistem persamaan (11) diperoleh hasil seperti pada Teorema 1.

Teorema 1.

Misalkan $(S_h(t) > 0, I_h(t) > 0, R_h(t) > 0, S_v(t) > 0, I_v(t) > 0)$ menjadi penyelesaian sistem persamaan (11) dengan keadaan awal $(S_{0h}, I_{0h}, R_{0h}, S_{0v}, I_{0v})$ dan set padat

$$D = \left\{ (S_h(t), I_h(t), R_h(t), S_v(t), I_v(t)) \in R_+^5, L_1 \leq N_h, L_2 \leq \frac{A}{\mu_v} + \theta, \text{ untuk } \theta > 0 \right\} \quad (12)$$

Untuk model sistem persamaan (11), D adalah satu set positif invarian yang mengcover semua penyelesaian dalam R_+^5 .

Bukti:

Misalkan calon fungsi Lyapunov seperti persamaan berikut:

$$L(t) = (L_1(t), L_2(t)) = (S_h + I_h + R_h, S_v + I_v) \quad (13)$$

Derivatif waktu yang memenuhi persamaan (13)

$$\frac{dL}{dt} = \left(\frac{dL_1}{dt}, \frac{dL_2}{dt} \right) = (S'_h + I'_h + R'_h, S'_v + I'_v)$$

$$\begin{aligned}
 &= (\mu_h N_h - \mu_h S_h - \mu_h I_h - \mu_h R_h, \mu_v N_v - \mu_v S_v - \mu_v I_v) \\
 &= (\mu_h N_h - \mu_h (S_h + I_h + R_h), A - \mu_v (S_v + I_v)) \\
 &= (\mu_h N_h - \mu_h L_1, A - \mu_v L_2)
 \end{aligned}$$

Dengan demikian, tidak sulit membuktikan bahwa:

$$\begin{cases} \frac{dL_1}{dt} = \mu_h N_h - \mu_h L_1 \leq 0, \text{ untuk } L_1 \geq N_h \\ \frac{dL_2}{dt} = A - \mu_v L_2 \leq 0, \text{ untuk } L_2 \geq \frac{A}{\mu_v} \end{cases} \quad (14)$$

Berdasarkan persamaan (14), diketahui bahwa $\frac{dL}{dt} \leq 0$ yang menerangkan bahwa D adalah suatu set invarian positif. Sebaliknya, dengan menyelesaikan sistem persamaan (14) diketahui bahwa:

$$0 \leq (L_1(t), L_2(t)) \leq \left(N_h + L_1(0)e^{-\mu_h t}, \frac{A}{\mu_v} + L_2(0)e^{-\mu_v t} \right)$$

dimana $L_1(0)$ dan $L_2(0)$ berturut-turut merupakan keadaan awal $L_1(t)$ dan $L_2(t)$. Oleh karena itu, jika $t \rightarrow \infty, 0 \leq (L_1(t), L_2(t)) \leq (N_h, \frac{A}{\mu_v})$ dan dapat disimpulkan bahwa D adalah suatu set invarian positif yang mengkover semua penyelesaian dalam R_+^5 . Ini membuktikan teorema.

Teorema ini menjamin eksistensi dari suatu kawasan yang awalnya tidak ditemukan nyamuk pembawa virus demam berdarah *dengue* kemudian berubah setelah ditemukannya nyamuk *suspected* tapi belum terinfeksi ($S_v(t) > 0$) dan terjangkiti virus demam berdarah *dengue* ($I_v(t) > 0$). Akibatnya, diperoleh populasi manusia yang positif *suspected* tetapi belum terinfeksi ($S_h(t) > 0$), terjangkiti ($I_h(t) > 0$), dan sehat kembali ($R_h(t) > 0$) terhadap penularan demam berdarah *dengue*. Teorema ini juga menghasilkan tahapan penyelidikan lebih lanjut tentang kasus demam berdarah *dengue* sehingga dapat mengidentifikasi secara detail tahap penyebaran dari wabah demam berdarah *dengue* hingga ketahap epidemik menggunakan model SIRS.

Analisis Kestabilan Global

System persamaan (11) untuk model SIRS mempunyai keseimbangan penyakit dengan titik keseimbangan $(N_h, 0, 0, \frac{A}{\mu_v}, 0)$, untuk mencari nilai eigen λ , selesaikan persamaan $|A - \lambda I| = 0$ yaitu

$$\begin{vmatrix} -\mu_h - \lambda & 0 & \theta_h & 0 & -\beta_h b \\ 0 & -\mu_h - \gamma_h - \lambda & 0 & 0 & \beta_h b \\ 0 & \gamma_h & -\mu_h - \theta_h - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_v b & 0 & -\mu_v - \lambda & 0 \\ 0 & \beta_v b & 0 & 0 & -\mu_v - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Sehingga diperoleh persamaan nilai eigen sebagai berikut:

$$(-\mu_h - \lambda)(-\mu_v - \lambda)(-\mu_h - \theta_h - \lambda)((-\mu_h - \gamma_h - \lambda)(-\mu_v - \lambda) - (\beta_h b)(\beta_v b))$$

Dari persamaan nilai eigen diatas, laju pembiakan awal pada sistem persamaan (11) untuk model SIRS dapat ditentukan, yaitu seperti pada persamaan (15)

$$R_0 = \frac{\beta_h \beta_v b^2}{\mu_v (\mu_h + \gamma_h)} \quad (15)$$

Kestabilan Global Keseimbangan Bebas Penyakit Model SIRS

Sistem persamaan (11) senantiasa mempunyai keseimbangan bebas penyakit (*disease-free*) $\mathbf{x}_{afe} = (S_h^*, I_h^*, R_h^*, S_v^*, I_v^*) = (N_h, 0, 0, \frac{A}{\mu_v}, 0)$ yang setara dengan kehilangan penyakit.

Bagian ini akan mengkaji tentang tingkah laku global keseimbangan bebas penyakit untuk persamaan (11).

Teorema 2.

$$\text{Anggap bahwa } \begin{cases} \mu_v = \frac{\beta_h b S_h^*}{N_h} \\ \mu_h = \frac{\beta_v b S_v^*}{N_h} \end{cases} \quad (16)$$

Dengan μ_v adalah laju untuk setiap populasi nyamuk yang berkurang disebabkan kematian secara alami dan μ_h adalah laju untuk setiap populasi manusia yang berkurang disebabkan kematian secara alami. Jika $R_0 \leq 1$, maka keseimbangan bebas penyakit x_{dfe} ditahap global yang berasimtotot stabil di D .

Bukti:

Misalkan calon fungsi Lyapunov sebagaimana persamaan (17)

$$W(t) = ((S_h - S_h^* \ln S_h) + I_h + R_h + (S_v - S_v^* \ln S_v) + I_v) \quad (17)$$

Dengan mendiferensialkan persamaan (4.15) terhadap waktu diperoleh persamaan (18).

$$\begin{aligned} \dot{W}(t) &= \dot{S}_h \left(1 - \frac{S_h^*}{S_h}\right) + \dot{I}_h + \dot{R}_h + \dot{S}_v \left(1 - \frac{S_v^*}{S_v}\right) + \dot{I}_v \\ &= \left(\mu_h N_h - \frac{\beta_h b I_v}{N_h} S_h - \mu_h S_h + \theta_h R_h\right) \left(1 - \frac{S_h^*}{S_h}\right) + \frac{\beta_h b I_v}{N_h} S_h - \mu_h I_h - \gamma_h I_h + \gamma_h I_h - \mu_h R_h - \\ &\quad \theta_h R_h + \left(A - \frac{\beta_v b I_h}{N_h} S_v - \mu_v S_v\right) \left(1 - \frac{S_v^*}{S_v}\right) + \frac{\beta_v b I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v \\ &= \mu_h N_h \left(1 - \frac{S_h^*}{S_h}\right) + \mu_h S_h^* \left(1 - \frac{S_h}{S_h^*}\right) - \theta_h R_h \left(\frac{S_h^*}{S_h}\right) + I_h \left(\frac{\beta_h b}{N_h} S_v^* - \mu_h\right) + I_v \left(\frac{\beta_h b}{N_h} S_h^* - \mu_v\right) + \\ &\quad A \left(1 - \frac{S_v^*}{S_v}\right) + \mu_v S_v^* \left(1 - \frac{S_v}{S_v^*}\right) - \mu_h R_h \end{aligned} \quad (18)$$

Menggunakan syarat-syarat (16), persamaan (18) dapat ditulis kembali sebagaimana persamaan (19)

$$\dot{W}(t) = \mu_h N_h \left(1 - \frac{S_h^*}{S_h}\right) + \mu_h S_h^* \left(1 - \frac{S_h}{S_h^*}\right) - \theta_h R_h \left(\frac{S_h^*}{S_h}\right) + A \left(1 - \frac{S_v^*}{S_v}\right) + \mu_v S_v^* \left(1 - \frac{S_v}{S_v^*}\right) - \mu_h R_h \quad (19)$$

Perhatikan bahwa pada D , diketahui $S_h^* = N_h$ dan $S_v^* = \frac{A}{\mu_v}$. Dengan ini, persamaan (19) menjadi persamaan (20)

$$\begin{aligned} \dot{W}(t) &= \mu_h N_h \left(2 - \frac{S_h^*}{S_h} - \frac{S_h}{S_h^*}\right) - \theta_h R_h \left(\frac{S_h^*}{S_h}\right) + A \left(2 - \frac{S_v^*}{S_v} - \frac{S_v}{S_v^*}\right) - \mu_h R_h \\ &= -\mu_h N_h \frac{(S_h - S_h^*)^2}{S_h S_h^*} - \theta_h R_h \left(\frac{S_h^*}{S_h}\right) - A \frac{(S_v - S_v^*)^2}{S_v S_v^*} - \mu_h R_h \end{aligned} \quad (20)$$

Oleh karena itu, $\dot{W}(t) \leq 0$ dan dengan menggunakan lanjutan LaSalle kaedah Lyapunov, set terbatas yang ditetapkan setiap penyelesaian adalah yang terkandung dalam set invarian terbesar dengan $S_h = S_h^*$, $R_h = 0$, dan $S_v = S_v^*$ adalah singleton $\{x_{dfe}\}$. Ini berarti bahwa keseimbangan bebas penyakit x_{dfe} adalah ditahap global berasimtotot stabil pada D . ini menyimpulkan bukti teorema.

Teorema kestabilan global model SIRS ini menjelaskan tentang suatu tahapan dari keberadaan kasus demam berdarah seperti dalam teorema 1. Tahapan ini menjelaskan bahwa jika seorang individu terinfeksi demam berdarah, $R_0 \leq 1$ tidak akan menyebabkan individu yang lain terinfeksi. Ini berarti bahwa di kawasan ini penyakit demam berdarah masih dapat dikawal dan berada pada tahap yang tidak mengkhawatirkan.

Kestabilan Global Keseimbangan Epidemik Model SIRS

Model untuk *host-vector* dalam sistem persamaan (11) dapat disederhanakan pada sistem persamaan (21)

$$\begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= \mu_h N_h - \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - \mu_h S_h + \theta_h R_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \frac{\beta_h b}{N_h} I_v S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \\ \frac{dS_v}{dt} &= \mu_v N_v - \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v \\ \frac{dI_v}{dt} &= \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v \end{aligned} \tag{21}$$

Sistem persamaan (21) mempunyai titik keseimbangan

$x_{ee} = (S_h^{**}, I_h^{**}, S_v^{**}, I_v^{**}) \in D$ yang dikatakan keseimbangan endemik dan memenuhi $S_h^{**}, I_h^{**}, S_v^{**}, I_v^{**} > 0$ dengan

$$\begin{aligned} I_h^{**} &= \frac{n_h(-\mu_v N_h(\mu_h + \gamma_h) + \beta_h \beta_v b^2 N_v)(\mu_h + \theta_h)}{((\mu_h + \theta_h)(\mu_h + \gamma_h)N_h + \beta_h b N_v(\mu_h + \gamma_h + \theta_h))\beta_v b}, \\ I_v^{**} &= \frac{\beta_h \beta_v b^2 N_v \theta_h + \beta_h \beta_v b^2 \mu_h N_v - \gamma_h \theta_h \mu_v N_h - \gamma_h \mu_h \mu_v N_h - \theta_h \mu_h \mu_v N_h - \mu_h^2 \mu_v N_h}{\beta_h b(\beta_v b \theta_h + \beta_v b \mu_h + \gamma_h \mu_v + \theta_h \mu_v + \mu_h \mu_v)} \text{ dan } S_v = S_v^{**}. \end{aligned}$$

Teorema berikut memberikan penjelasan tentang global keseimbangan endemik sistem persamaan (21).

Teorema 3.

Jika $R_0 > 1$, maka keadaan keseimbangan positif endemik persamaan (21) wujud dan ditahap global berasimtot stabil pada D, dengan andaian bahwa

$$\begin{cases} \mu_v = \frac{A}{S_v^{**}} \\ N_h = S_h^{**} \\ b = \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{r \mu_h \beta_v S_v^{**2}} \end{cases} \tag{22}$$

Dengan μ_v adalah laju untuk setiap populasi nyamuk yang berkurang disebabkan kematian secara alami, N_h adalah jumlah populasi manusia yang sama dengan jumlah berpotensi untuk dijangkiti virus demam berdarah, b adalah rata-rata gigitan nyamuk berpotensi dijangkiti dengan r adalah laju hubungan yang mencukupi dari manusia kepada nyamuk sebagai vektor.

Bukti:

Misalkan calon fungsi Lyapunov sebagaimana persamaan (23)

$$V(t) = (S_h - S_h^{**} \ln S_h) + I_h + \frac{(\mu_h + \gamma_h)}{r S_v^{**}} (S_v - S_v^{**} \ln S_v) + \frac{(\mu_h + \gamma_h)}{r S_v^{**}} I_v \tag{23}$$

Dengan $r = \frac{\beta_h b}{N_h}$ dan $l = \frac{\beta_v b}{N_h}$ memenuhi persamaan (24)

$$\dot{V}(t) = \dot{S}_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) + \dot{I}_h + \frac{(\mu_h + \gamma_h)}{r S_v^{**}} \dot{S}_v \left(1 - \frac{S_v^{**}}{S_v}\right) + \frac{(\mu_h + \gamma_h)}{r S_v^{**}} \dot{I}_v$$

$$\begin{aligned}
 &= \mu_h N_h - \frac{\beta_h b I_v}{N_h} S_h - \mu_h S_h + \theta_h R_h - \mu_h N_h \frac{S_h^{**}}{S_h} + \frac{\beta_h b I_v}{N_h} S_h^{**} + \mu_h S_h^{**} - \theta_h R_h \frac{S_h^{**}}{S_h} + \frac{\beta_h b I_v}{N_h} S_h \\
 &\quad - (\mu_h + \gamma_h) I_h + \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l S_v^{**}} - \frac{l(\mu_h + \gamma_h) I_h}{l} \frac{S_v}{S_v^{**}} - \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{S_v}{S_v^{**}} \\
 &\quad - \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l S_v} + \frac{l(\mu_h + \gamma_h) I_h}{l} + \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} + \frac{l(\mu_h + \gamma_h) I_h}{l} \frac{S_v}{S_v^{**}} \\
 &\quad - \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{I_v}{S_v^{**}} \\
 &= \mu_h N_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) + \mu_h S_h^{**} \left(1 - \frac{S_h}{S_h^{**}}\right) + \theta_h R_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) + r I_v S_h^{**} - (\mu_h + \gamma_h) I_h \\
 &\quad + \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l S_v^{**}} - \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{S_v}{S_v^{**}} - \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l S_v} + (\mu_h + \gamma_h) I_h + \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \\
 &\quad - \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{I_v}{S_v^{**}} \\
 &= \mu_h N_h \left(2 - \frac{S_h^{**}}{S_h} - \frac{S_h}{S_h^{**}}\right) + \theta_h R_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) + \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \left(1 - \frac{S_v}{S_v^{**}}\right) + \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} - \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l S_v} - \\
 &\quad \frac{\mu_v(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{I_v}{S_v^{**}} + r I_v S_h^{**} \\
 &= \mu_h N_h \left(2 - \frac{S_h^{**}}{S_h} - \frac{S_h}{S_h^{**}}\right) + \theta_h R_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) + \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l} \left(2 - \frac{S_v}{S_v^{**}} - \frac{S_v^{**}}{S_v}\right) \\
 &= -\mu_h N_h \frac{(S_h - S_h^{**})^2}{S_h S_h^{**}} + \theta_h R_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) + \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{(S_v - S_v^{**})^2}{S_v S_v^{**}} \\
 \dot{V}(t) &= -\mu_h N_h \frac{(S_h - S_h^{**})^2}{S_h S_h^{**}} - \theta_h R_h \left(1 - \frac{S_h^{**}}{S_h}\right) - \frac{A(\mu_h + \gamma_h)}{l} \frac{(S_v - S_v^{**})^2}{S_v S_v^{**}} \tag{24}
 \end{aligned}$$

Oleh karena itu, keadaan pada persamaan (24) memastikan bahwa $\dot{V}(t) \leq 0$ untuk semua $S_h(t), I_h(t), S_v(t), I_v(t) \in D$ dan $\dot{V}(t) = 0$, kesamaan ketat $\dot{V}(t) = 0$ hanya memenuhi untuk $S_h = S_h^{**}, I_h = I_h^{**}, S_v = S_v^{**}$, dan $I_v = I_v^{**}$. Kemudian keseimbangan x_{ee} hanya himpunan positif invarian dari sistem persamaan (21) yang terkandung sepenuhnya dalam titik-titik keseimbangan

$L = \{(S_h(t), I_h(t), S_v(t), I_v(t)), S_h = S_h^{**}, I_h = I_h^{**}, S_v = S_v^{**}, I_v = I_v^{**}\}$ dan seterusnya oleh teorema kestabilan asimtot (LaSalle, 1976 dalam Side, 2014), keseimbangan positif endemik x_{ee} ditahap global berasimtot stabil pada D. ini membuktikan teorema.

Teorema kestabilan global untuk model SIRS pada tahapan ini menjelaskan bahwa jika satu individu terinfeksi demam berdarah, $R_0 > 1$ maka mengakibatkan individu yang lain juga akan terinfeksi. Ini berarti bahwa penyakit demam berdarah pada tahapan ini adalah endemik sebab tidak lagi dapat dikontrol dan berada pada tahap yang mengkhawatirkan, sehingga menjadi ancaman untuk populasi manusia di kawasan ini.

Simulasi Model SIRS untuk Penyebaran Demam Berdarah Dengue

Simulasi dilakukan karena pengamatan terhadap sistem sulit dilakukan secara langsung, selain itu dengan simulasi dapat dipelajari hal-hal yang bisa terjadi dalam dinamika populasi.

Pemilihan parameter didasarkan pada studi yang dilakukan oleh berbagai sumber terpercaya. Beberapa nilai parameter seperti yang menyangkut populasi, didasarkan pada asumsi tentang situasi penyakit yang paling umum. Nilai-nilai parameter yang diambil sehingga diperoleh $R_0 > 1$ disajikan pada Tabel 1.

TABEL 1. Nilai parameter pada model SIRS untuk penyakit demam berdarah dengue

Simbol	Parameter	Nilai Parameter	Sumber
N_h	Jumlah Populasi Manusia	7675893	(Ginting, 2014)
N_v	Jumlah Populasi Nyamuk	10000	Asumsi
μ_h	Angka kelahiran/kematian manusia	0,000046	(Ginting, 2014)
μ_v	Angka kelahiran/kematian nyamuk	0,0323	(Ginting, 2014)
$\beta_h b$	Kemampuan interaksi I_v dengan S_h	0,75	(Ginting, 2014)
$\beta_v b$	Kemampuan interaksi I_h dengan S_v	0,375	(Ginting, 2014)
γ_h	Laju kesembuhan terhadap penyakit	0,328833	(Ginting, 2014)
θ_h	Laju penurunan kekebalan manusia terhadap penyakit	$\frac{1}{730}$	Asumsi

Diperoleh formulasi model epidemik SIRS untuk kasus penyakit demam berdarah *dengue* sebagai berikut:

$$\frac{dS_h}{dt} = 0,00004599708130 - (0,2925185603I_v + 0,000046)S_h + \frac{1}{730}R_h$$

$$\frac{dI_h}{dt} = 0,2925185603I_vS_h - 0,328879I_h$$

$$\frac{dR_h}{dt} = 0,328833I_h - 0,001415863014R_h$$

$$\frac{dS_v}{dt} = 0,03089172 - (0,3750237953I_h + 0,0323)S_v$$

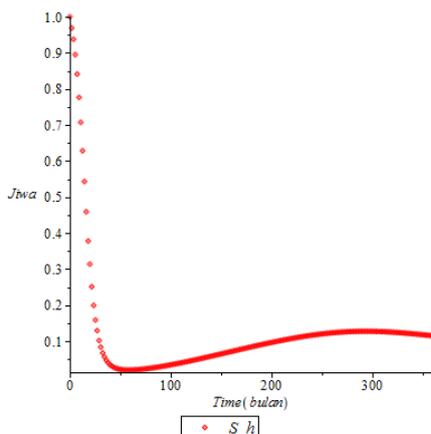
$$\frac{dI_v}{dt} = 0,3750237953I_hS_v - 0,0323I_h$$

Dengan syarat awal yang akan digunakan dalam simulasi model ini adalah; Nilai $S_h(0)$, $I_h(0)$, $R_h(0)$, $S_v(0)$, dan $I_v(0)$ untuk model SIRS ditentukan seperti pada Tabel 2.

TABEL 2. Syarat awal model SIRS

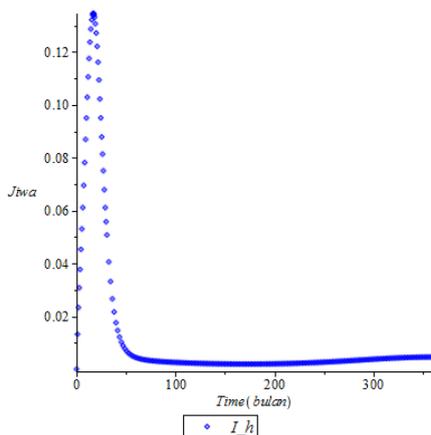
Variabel	Nilai	Sumber
$S_h(0)$	$\frac{7675406}{7675893}$	(Ginting, 2014)
$I_h(0)$	$\frac{487}{7675893}$	(Ginting, 2014)
$R_h(0)$	$\frac{450}{7675893}$	Asumsi
$S_v(0)$	$\frac{9564}{10000}$	Asumsi
$I_v(0)$	$\frac{560}{10000}$	(Ginting, 2014)

Simulasi Komputer Model SIRS



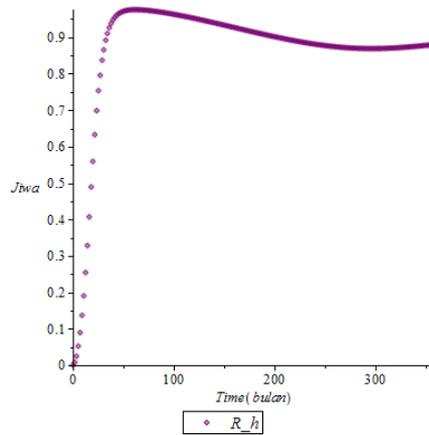
GAMBAR 3. Proporsi Individu Susceptible

Gambar 3 menunjukkan bahwa jumlah individu rentan mengalami penurunan secara drastis, namun memasuki bulan ke-60 jumlah individu rentan setiap bulannya semakin meningkat seiring berjalannya waktu. Setiap individu yang sehat namun rentan penyakit masuk ke dalam subpopulasi *susceptible*, individu pada subpopulasi ini akan rentan terhadap penyakit dan memiliki peluang yang sangat besar untuk terdeteksi penyakit.



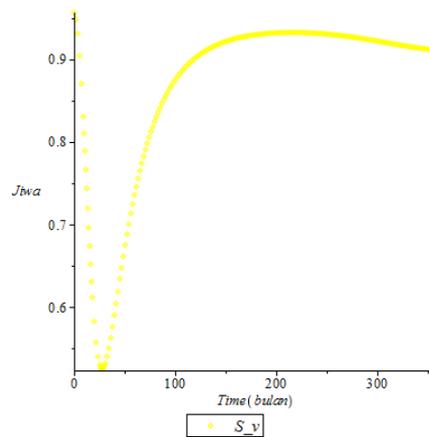
GAMBAR 4. Proporsi Individu Infected

Pada Gambar 4 menunjukkan bahwa jumlah individu yang terinfeksi pada bulan pertama naik secara drastis, namun pada bulan ke-20 jumlah individu yang terinfeksi menurun secara drastis, dikarenakan adanya jumlah pengurangan individu *infected* ke kelompok subpopulasi *recovered*, hal ini terjadi karena adanya individu yang sembuh dari penyakit. Maka setiap individu yang terinfeksi penyakit akan masuk ke dalam subpopulasi *infected*.



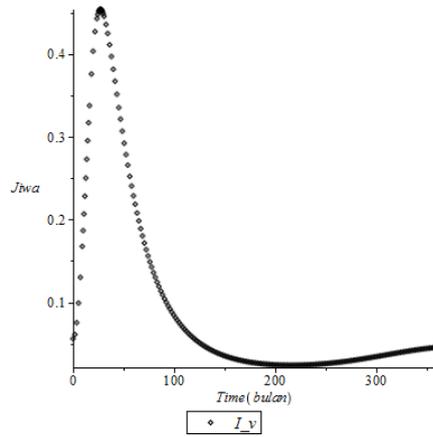
GAMBAR 5. Proporsi Individu Recovered

Gambar 5 menunjukkan bahwa jumlah individu *recovered* mengalami kenaikan seiring berjalannya waktu. Hal tersebut disebabkan karena adanya individu *infected* yang sembuh dari penyakit sehingga memasuki kelompok *recovered*. Namun, memasuki bulan ke-50 jumlah individu *recovered* mengalami penurunan, hal ini dikarenakan individu yang sembuh memiliki kemungkinan untuk terinfeksi kembali sehingga individu dapat menjadi rentan terkena penyakit dan kembali menjadi individu *susceptible*.



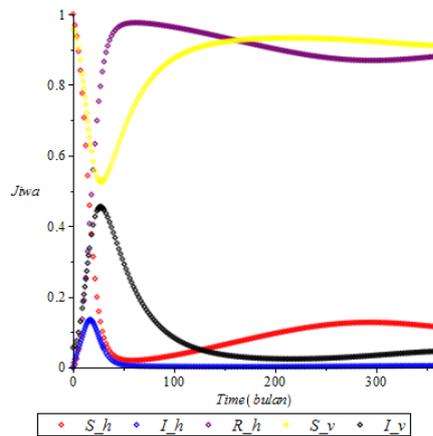
GAMBAR 6. Proporsi Vektor Susceptible

Gambar 6 menunjukkan bahwa jumlah vektor rentan pada bulan pertama menurun secara drastis, namun kemudian pada bulan ke-30 jumlah vektor rentan naik secara drastis. Setiap vektor yang sehat namun rentan penyakit masuk ke dalam subpopulasi *susceptible*, vektor pada subpopulasi ini akan rentan terhadap penyakit dan memiliki peluang yang sangat besar untuk terdeteksi penyakit.



GAMBAR 7. Proporsi vektor Infected

Pada Gambar 7 menunjukkan bahwa jumlah vektor yang terinfeksi naik secara drastis, kemudian pada bulan ke-40 jumlah vektor yang terinfeksi menurun secara drastis, dikarenakan adanya jumlah pengurangan individu *infected* dikarenakan adanya vektor yang mati. Maka setiap vektor yang terinfeksi penyakit akan masuk ke dalam subpopulasi *infected*.



GAMBAR 8. Proporsi individu dan vektor model SIRS

Gambar 8 menunjukkan bahwa jumlah individu yang rentan mengalami penurunan secara drastis namun pada bulan ke-60 jumlah individu rentan setiap bulannya semakin meningkat seiring dengan berjalannya waktu. Jumlah individu yang terinfeksi pada bulan pertama naik secara drastis, namun pada bulan ke-20 jumlah individu yang terinfeksi menurun secara drastis. Jumlah individu *recovered* mengalami kenaikan seiring berjalannya waktu, namun memasuki bulan ke-50 jumlah individu *recovered* mengalami penurunan. Jumlah vektor rentan pada bulan pertama menurun secara drastis, namun kemudian pada bulan ke-30 jumlah vektor rentan naik secara drastis. Jumlah vektor yang terinfeksi naik secara drastis, kemudian pada bulan ke-40 jumlah vektor yang terinfeksi menurun secara drastis.

Kadar Reproduksi Awal

Nilai kadar reproduksi awal R_0 diperoleh dengan menggunakan nilai awal dan nilai parameter yang telah ditentukan dan diperoleh hasil sebagai berikut:

$$R_0 = \frac{\beta_h \beta_v b^2}{\mu_v (\mu_h + \gamma_h)} = \frac{(0,75)(0,375)}{0,0323(0,000046 + 0,328833)} = 26,4760953.$$

Karena nilai $R_0 > 1$ maka hal ini menjadi status epidemik (KLB).

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dipaparkan sebelumnya, dapat disimpulkan bahwa:

1. Model matematika SIRS penyebaran demam berdarah *dengue* dapat diekspresikan sebagai berikut:

Populasi manusia

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

Populasi vektor

$$\begin{aligned}\frac{dS_v}{dt} &= \mu_v N_v - \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v S_v \\ \frac{dI_v}{dt} &= \frac{\beta_v b}{N_h} I_h S_v - \mu_v I_v\end{aligned}$$

2. Analisis model SIRS untuk penyebaran demam berdarah *dengue*:
 - a. (Teorema 1) menghasilkan teorema mengenai jaminan eksistensi populasi manusia yang *Suspected*, *Infected*, dan *Recovered* dari demam berdarah *dengue* untuk model SIRS.
 - b. (Teorema 2) menghasilkan teorema mengenai tahapan status yaitu tahapan yang menjelaskan bahwa jika seorang individu terinfeksi demam berdarah *dengue*, $R_0 \leq 1$ tidak akan menyebabkan individu yang lain terinfeksi untuk model SIRS. Ini berarti bahwa di kawasan ini penyakit demam berdarah masih dapat dikawal dan berada pada tahap yang tidak mengkhawatirkan.
 - c. (Teorema 3) menghasilkan teorema mengenai status epidemik yaitu tahapan yang menjelaskan bahwa jika satu individu terinfeksi demam berdarah *dengue*, $R_0 > 1$ maka mengakibatkan individu yang lain juga akan terinfeksi untuk model SIRS. Ini berarti bahwa satu individu yang terinfeksi demam berdarah *dengue* mengakibatkan infeksi bagi individu lain atau penyakit demam berdarah *dengue* pada tahapan ini tidak lagi dapat dikontrol dan berada pada tahap yang mengkhawatirkan, sehingga menjadi ancaman untuk populasi manusia di kawasan ini.
3. Hasil simulasi diperoleh plot grafik yang menunjukkan bahwa jumlah individu *Susceptible* setiap bulannya selalu meningkat, jumlah individu *Infected* mengalami penurunan, dan jumlah individu *Recovered* semakin meningkat, namun setelah beberapa lama jumlah individu *Recovered* mengalami penurunan yang dapat disebabkan oleh berkurangnya kekebalan tubuh sehingga bisa menjadi individu *Susceptible* kembali. Untuk vektor *Susceptible* juga mengalami peningkatan, dan vektor *Infected* mengalami penurunan. Diperoleh bilangan reproduksi dasar $R_0 = \frac{\beta_h \beta_v b^2}{\mu_v (\mu_h + \gamma_h)} = \frac{(0,75)(0,375)}{0,0323(0,000046 + 0,328833)} = 26,4760953$, ini berarti seseorang yang terinfeksi menyebabkan orang lain terkena penyakit yang sama, dengan kata lain terjadi wabah pada populasi tersebut.

DAFTAR PUSTAKA

- Maesaroh, U. (2013). *Model Matematika Untuk Kontrol Campak Menggunakan Vaksinasi*. Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga, Yogyakarta.
- Roni, T.P. (2011). Kestabilan Lokal Bebas Penyakit Model Epidemi SEIR dengan kumpulan Infeksi pada Periode Laten. Politeknik Negeri Padang, Padang.

- Rohmah, N. & Kusumaniwahyu, W. M. (2014). Dinamik Model Epidemi SIRS dengan Laju Kematian Beragam. *Jurnal Matematika Integratif*, 10(1). 1-7.
- Ginting, I. (2014). Teori Kestabilan Lyapunov. <http://digilib.itb.ac.id/gld.php?mod=browse&op=read&id=jbptitbpp-gld-iwangintin-19415> diakses pada tanggal 9 Oktober 2016.
- WHO. (2009). Fact sheets: dengue and dengue haemorrhagic fever' [online] <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/en/>
- Kompas. (2016). Benarkah Kebal Virus DBD Jika Sudah Pernah Kena?. <http://health.kompas.com/read/2016/05/03/120000823/Benarkah.Kebal.Virus.DBD.jika.Sudah.Pernah.Kena> .diakses pada tanggal 9 Oktober 2016.
- Side, S. (2014). *Pemodelan Matematika SIR dan SEIR*. Makassar: Badan Penerbit Universitas Negeri Makassar.
- Campbell, S. L., & Haberman, R. (2008). *Introduction to Differential Equations with Dynamical System*. New Jersey: Princeton University Press.
- Perko, L. (2001). *Differential Equations and Dynamical System* 3rd. New York: Springer.
- Olsder & Woude, V. D. (2004). *Mathematical System Theory*. Belanda: Delft University of Technology.
- Anton, H. (2000). *Dasar-dasar Aljabar Linear*. Batam: Interaksara.
- Mulisi, S. (2011). Pengaruh Vaksinasi Terhadap Dinamika Populasi pada Model SIR (Suspected-Infected-Recovered). Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Luenberger, D. (1979). *Introduction to dynamical system theory, models, and applications*. Canada: John Wiley & Sons, Inc.