



**ANALISIS STABILITAS PADA PENYEBARAN  
PENYAKIT DBD DI KABUPATEN JEMBER  
DENGAN METODE SIR STOKASTIK**

**SKRIPSI**

Oleh:

**Effendy**

**091810101035**

**JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS JEMBER**

**2013**



**ANALISIS STABILITAS PADA PENYEBARAN  
PENYAKIT DBD DI KABUPATEN JEMBER  
DENGAN METODE SIR STOKASTIK**

**SKRIPSI**

diajukan guna melengkapi tugas akhir dan memenuhi salah satu syarat  
untuk menyelesaikan Program Studi Matematika (S1)  
dan mencapai gelar Sarjana Sains

Oleh:

**Effendy**

**091810101035**

**JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS JEMBER  
2013**

## **PERSEMBAHAN**

Skripsi ini saya persembahkan untuk:

1. Ibunda Umyati dan Ayahanda Ennam tercinta, yang telah mendoakan dan memberi kasih sayang serta pengorbanan untuk putra tercintanya.
2. Kakak Eni Yuniarsih tersayang, yang telah banyak memberikan nasehat dan semangat dalam penyelesaian skripsi ini.
3. Guru – guru sejak taman kanak-kanak sampai dengan perguruan tinggi;
4. Almamater Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember, SMA Negeri 2 Situbondo, SMP Negeri 1 Prajekan, SD Negeri Prajekan Kidul 1, dan TK Al-Arief.

## MOTTO

Keuletan adalah karakteristik semua orang sukses. Kejeniusan adalah seni menjalani rasa sakit yang tak terhingga. Semua prestasi luar biasa diwarnai dengan perhatian yang ekstrem, kesungguhan yang tak terbatas, bahkan ke hal – hal yang paling kecil.

(Elbert Hubbard)<sup>1</sup>

Sukses itu terdiri dari 20% kemampuan dan 80% strategi. Anda mungkin mengetahui bagaimana cara membaca, tapi yang terpenting apa tujuan Anda membaca.

(Jim Rohn)<sup>2</sup>

---

<sup>1</sup> Syuropati, Mohammad. 2010. *569 Mutiara Kata Paling Inspiratif*. Bantul: In Azna Books.

<sup>2</sup> Syuropati, Mohammad. 2010. *569 Mutiara Kata Paling Inspiratif*. Bantul: In Azna Books.

## **PERNYATAAN**

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

nama : Effendy

NIM : 091810101035

Menyatakan dengan sesungguhnya bahwa karya ilmiah yang berjudul “Analisis Stabilitas pada Penyebaran Penyakit DBD di Kabupaten Jember dengan Metode SIR Stokastik” adalah benar-benar hasil karya sendiri, kecuali kutipan yang sudah saya sebutkan sumbernya, belum pernah diajukan pada institusi mana pun, dan bukan karya jiplakan. Saya bertanggung jawab atas keabsahan dan kebenaran isinya sesuai dengan sikap ilmiah yang harus dijunjung tinggi.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya, tanpa ada tekanan dan paksaan dari pihak mana pun serta bersedia mendapat sanksi akademik jika ternyata di kemudian hari pernyataan ini tidak benar.

Jember, Mei 2013

Yang Menyatakan,

Effendy  
NIM 091810101035

**SKRIPSI**

**ANALISIS STABILITAS PADA PENYEBARAN PENYAKIT DBD DI  
KABUPATEN JEMBER DENGAN METODE SIR STOKASTIK**

Oleh:

Effendy

091810101035

Pembimbing

Dosen Pembimbing Utama : Drs. Rusli Hidayat, M.Sc.

Dosen Pembimbing Anggota : Kusbudiono, S.Si, M.Si.

## PENGESAHAN

Skripsi yang berjudul “Analisis Stabilitas pada Penyebaran Penyakit DBD di Kabupaten Jember dengan Metode SIR Stokastik” telah diuji dan disahkan pada:

hari, tanggal :

tempat : Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Universitas Jember

Tim Penguji,

Dosen Pembimbing Utama,

Dosen Pembimbing Anggota,

Drs. Rusli Hidayat, M.Sc.  
NIP 196610121993031001

Kusbudiono, S.Si, M.Si.  
NIP 197704302005011001

Penguji I,

Penguji II,

Kiswara Agung Santoso, S.Si, M.Kom.  
NIP 197209071998031003

Yuliani Setia Dewi, S.Si, M.Si.  
NIP 197407162000032001

Mengesahkan,

Prof. Drs. Kusno, DEA, Ph.D  
NIP 196101081986021001

## RINGKASAN

**Analisis Stabilitas pada Penyebaran Penyakit DBD di Kabupaten Jember dengan Metode SIR Stokastik;** Effendy, 091810101035; 2013: 49 Halaman; Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

Penyakit demam berdarah *dengue* (DBD) merupakan sebuah penyakit yang umum diderita oleh masyarakat. Jumlah penderita penyakit ini cenderung meningkat dan meluas. Penyakit demam berdarah *dengue* (DBD) disebabkan oleh virus *dengue*. Jember merupakan salah satu kota yang jumlah penderitanya tinggi. Dinas Kesehatan Kabupaten Jember menemukan 260 kasus demam berdarah (DB) selama Januari hingga akhir Desember 2012. Penyebaran penyakit DBD yang terjadi pada suatu populasi dapat dimodelkan ke dalam bentuk matematis. Tujuan penelitian adalah: (1) mengetahui titik kesetimbangan penyebaran penyakit DBD serta dinamika penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember menggunakan model epidemik stokastik, (2) menganalisis penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember dengan interpolasi.

Penelitian ini dibagi menjadi beberapa langkah. Langkah pertama adalah mengkaji model epidemik SIR Stokastik, pada tahap ini peneliti akan mengkaji literatur-literatur mengenai model SIR epidemik DBD. Langkah kedua adalah mencari mean distribusi probabilitas individu terinfeksi. Langkah ketiga adalah analisis kestabilan pada titik kesetimbangan model epidemik DBD, langkah ini dilakukan dengan melihat tanda pada akar-akar polinomial karakteristik dari matriks Jacobian. Langkah keempat adalah mencari nilai reproduksi dasar  $R_0$ . Langkah kelima adalah menyelesaikan model SIR Stokastik dan Interpolasi, tahap ini dapat dilakukan dengan proses bivariat yang bergantung pada variabel random  $I$  dan  $R$ . Langkah keenam adalah plot grafik, plot grafik pada langkah ini dilakukan dengan *software* Maple 13.



Berdasarkan penelitian, diperoleh bilangan reproduksi dasar 2,54 yang artinya penyakit DBD bersifat endemik di Kabupaten Jember dan titik kesetimbangan endemik

$$\begin{aligned}
 E^1 &= (S_{v1}, I_{v1}, S_{h1}, I_{h1}) \\
 &= \left( \frac{\mu_v N_v}{\mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h}}, \frac{c_{hv} I_h}{N_h \mu_v} S_v, \frac{\mu_h N_h}{\mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h}}, \frac{c_{vh} I_v S_h}{N_h (\mu_h + \gamma_h)} \right) \\
 &= (499.071,22; 946,2; 4.018,83; 5.981,76).
 \end{aligned}$$

Probabilitas sebuah infeksi baru sebesar 0,0087, probabilitas kesembuhan dari satu individu sebesar 0,013 dan populasi kematian dari satu individu terinfeksi sebesar 0,00029.

## PRAKATA

Puji syukur kehadiran Allah SWT, yang telah melimpahkan rahmat dan hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul “Analisis Stabilitas pada Penyebaran Penyakit DBD di Kabupaten Jember dengan Metode SIR Stokastik”. Skripsi ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat menyelesaikan pendidikan strata satu (S1) pada Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

Penulisan skripsi ini tidak lepas dari bantuan berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Drs. Rusli Hidayat, M.Sc., selaku Dosen Pembimbing Utama dan Kusbudiono, S.Si, M.Si., selaku Dosen Pembimbing Anggota yang telah meluangkan waktu, pikiran dan perhatian dalam penulisan skripsi ini;
2. Kiswara Agung Santoso, S.Si, M.Kom. dan Yuliani Setia Dewi, S.Si, M.Si., selaku Dosen Penguji yang telah memberikan saran dan kritikan;
3. ibu dan bapak serta keluarga di rumah yang telah memberikan doa;
4. Kristiana Wijaya, S.Si, M.Si., selaku Dosen Pembimbing Akademik;
5. Winda Olyvia A yang telah memberikan semangat kepada penulis;
6. sahabat-sahabat A FIRE LIFE (Aan, Latifatur, Rizka, Ervin, Lutfi, Ifa, fathur dan Elna) dan teman-teman angkatan 2009, terima kasih atas kebersamaannya;
7. Haerul, Vindy, Weldy dan teman-teman kost Nias Cluster A8 serta sahabatku (Demy, Gian, Wirida dan Sartika), terima kasih telah menjadi keluarga selama ini;
8. semua pihak yang tidak dapat disebutkan satu per satu.

Penulis juga menerima kritik dan saran ddari semua pihak demi kesempurnaan skripsi ini. Akhirnya penulis berharap, semoga skripsi ini dapat bermanfaat.

Jember, Mei 2013

Penulis

## DAFTAR ISI

	Halaman
<b>HALAMAN JUDUL .....</b>	<b>ii</b>
<b>HALAMAN PERSEMBAHAN.....</b>	<b>iii</b>
<b>HALAMAN MOTTO .....</b>	<b>iv</b>
<b>HALAMAN PERNYATAAN.....</b>	<b>v</b>
<b>HALAMAN PEMBIMBING.....</b>	<b>vi</b>
<b>HALAMAN PENGESAHAN .....</b>	<b>vii</b>
<b>RINGKASAN .....</b>	<b>viii</b>
<b>PRAKATA .....</b>	<b>x</b>
<b>DAFTAR ISI.....</b>	<b>xi</b>
<b>DAFTAR GAMBAR.....</b>	<b>xiii</b>
<b>DAFTAR TABEL.....</b>	<b>xiv</b>
<b>BAB 1. PENDAHULUAN .....</b>	<b>1</b>
<b>1.1 Latar Belakang .....</b>	<b>1</b>
<b>1.2 Rumusan Masalah .....</b>	<b>2</b>
<b>1.3 Tujuan.....</b>	<b>3</b>
<b>1.4 Manfaat.....</b>	<b>3</b>
<b>BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA.....</b>	<b>4</b>
<b>2.1 Demam Berdarah <i>Dengue</i> (DBD) .....</b>	<b>4</b>
<b>2.2 Persamaan Diferensial .....</b>	<b>5</b>
<b>2.3 Model SIR.....</b>	<b>7</b>
<b>2.4 Model SIR dengan Kelahiran dan Kematian.....</b>	<b>8</b>
<b>2.5 Model SIR Penyebaran Penyakit DBD.....</b>	<b>9</b>
<b>2.6 Linierisasi .....</b>	<b>10</b>
<b>2.7 Kestabilan dan Akar Karakteristik .....</b>	<b>11</b>
<b>2.8 Kriteria Kestabilan <i>Routh – Hurwitz</i> .....</b>	<b>12</b>
<b>2.9 Proses Stokastik .....</b>	<b>14</b>

2.10 Rantai Markov Waktu Diskrit .....	14
2.11 Model Epidemik SIR dengan Jumlah Populasi Konstan.....	15
2.12 Mean Distribusi Probabilitas Individu Terinfeksi dan Analisis Keseimbangan Model Epidemik SIR Stokastik .....	18
2.13 Bilangan Reproduksi Dasar ( <i>Basic Reproduction Number</i> ) .....	18
2.14 Interpolasi.....	19
<b>BAB 3. METODELOGI PENELITIAN .....</b>	<b>22</b>
<b>BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN .....</b>	<b>24</b>
4.1 Hasil .....	24
4.1.1 Studi Kasus Model Epidemik DBD .....	24
4.1.2 Titik Keseimbangan Model Epidemik DBD .....	26
4.1.3 Analisis Kestabilan .....	29
4.1.4 Proses Stokastik .....	32
4.1.5 Proses Interpolasi Individu Terinfeksi .....	33
4.2 Pembahasan .....	33
4.2.1 Model SIR .....	33
4.2.2 Stokastik.....	35
4.2.3 Interpolasi .....	36
<b>BAB 5. PENUTUP .....</b>	<b>40</b>
5.1 Kesimpulan.....	40
5.2 Saran .....	41
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>	<b>42</b>
<b>LAMPIRAN.....</b>	<b>44</b>

## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
2.1 Kompartemen Model Epidemik DBD .....	5
2.2 Kompartemen Model SIR Klasik.....	7
2.3 Model SIR dengan Kelahiran dan Kematian .....	8
2.4 Model SIR Penyebaran Penyakit DBD .....	9
3.1 Diagram Metode Penelitian.....	22
4.1 Plot <i>susceptible</i> populasi manusia.....	33
4.2 Plot <i>infected</i> populasi manusia.....	34
4.3 <i>Spline Plot</i> manusia <i>infected</i> .....	36
4.4 Plot kompartemen <i>infected</i> pada tahun 2008-2012 .....	37
4.5 Plot kompartemen <i>infected</i> pada tahun 2003-2007 .....	38

## DAFTAR TABEL

	Halaman
2.1 Tabel <i>Routh</i> .....	13
4.1 Tabel <i>Routh 2</i> .....	31

## **BAB 1. PENDAHULUAN**

### **1.1 Latar Belakang**

Penyakit demam berdarah *dengue* (DBD) merupakan sebuah penyakit yang umum diderita oleh masyarakat. Jumlah penderita penyakit ini cenderung meningkat dan meluas. Penyakit demam berdarah *dengue* (DBD) disebabkan oleh virus *dengue*.

Demam berdarah *dengue* merupakan salah satu masalah kesehatan di Indonesia, tak terkecuali kabupaten Jember. Penyakit ini selalu meningkat pada setiap awal musim hujan. DBD ditularkan oleh nyamuk *Aedes* yang terinfeksi virus *dengue*. Virus *dengue* penyebab Demam Dengue (DD), Demam Berdarah Dengue (DBD) dan *Dengue Shock Syndrome* (DSS) termasuk dalam kelompok *B Arthropod Virus (Arbovirosis)* yang sekarang dikenal sebagai genus *Flavivirus*, famili *Flaviviride*, dan mempunyai 4 jenis serotipe, yaitu: Den-1, Den-2, Den-3, Den-4 (Buletin Jendela Epidemiologi, 2010).

Jember merupakan salah satu kota yang jumlah penderitanya tinggi. Dinas Kesehatan Kabupaten Jember menemukan 260 kasus demam berdarah (DB) selama Januari hingga akhir Desember 2012. Peningkatan kasus DB di Jember terlihat dalam dua bulan terakhir. Berdasarkan data di Dinas Kesehatan, pada bulan November ada 21 kasus DB dan 60 kasus di bulan Desember 2012. Jumlah penderita DB meningkat drastis pada bulan Januari 2013 yakni 171 kasus. Angka kematian pada tahun 2012 juga meningkat dibandingkan tahun 2011. Pada tahun 2011 angka kematian akibat DB hanya 1 orang sedangkan pada tahun 2012 meningkat menjadi 5 orang (Dinas Kesehatan Kabupaten Jember).

Penyebaran penyakit DBD yang terjadi pada suatu populasi dapat dimodelkan ke dalam bentuk matematis. Model epidemik merupakan model yang cocok untuk penyebaran penyakit ini. Model epidemik membagi populasi menjadi

populasi *susceptible* (rentan) penyakit, populasi *infected* (terinfeksi) dan populasi *recovered* (sembuh).

Hardiningsih (2010) mengkaji model epidemik SIR Deterministik dan Stokastik pada waktu diskrit. Menurut kajian Hardiningsih diperoleh hasil titik kesetimbangan saat bebas penyakit, solusi untuk keadaan setimbang mean distribusi probabilitas individu terinfeksi pada model epidemik SIR Stokastik dan hubungan antara model epidemik SIR Deterministik dan Stokastik.

Setyawan (2011) menerapkan model epidemik SEIR Deterministik untuk menganalisa stabilitas pada penyebaran penyakit campak dan demam berdarah *dengue* di Kabupaten Jember. Pada kajian tersebut hanya digunakan model epidemik deterministik. Pebwanartha (2012) mengkaji Analisis Stabilitas Pada Model Penyebaran Penyakit Demam Berdarah dengan Laju Kontak Bilinier. Kedua Kajian tersebut tidak menggunakan model SIR Stokastik, sehingga membuat penulis tertarik untuk menganalisis penyakit ini menggunakan model epidemik SIR stokastik.

Pada tugas akhir ini akan dilakukan analisis stabilitas pada penyebaran penyakit DBD yang mengambil studi kasus di Kabupaten Jember. Model yang digunakan merupakan model SIR stokastik dan juga akan dilakukan proses interpolasi sebagai pembanding.

## **1.2 Rumusan Masalah**

Permasalahan yang akan dibahas pada penelitian tugas akhir ini adalah sebagai berikut:

- a. Bagaimana menentukan titik kesetimbangan untuk penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember serta dinamika penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember.
- b. Bagaimana menentukan probabilitas sebuah infeksi baru, kesembuhan suatu individu dan kematian dari suatu individu terinfeksi pada penderita penyakit DBD di Kabupaten Jember.



### **1.3 Tujuan**

Tujuan dari penelitian adalah sebagai berikut:

- a. Mengetahui titik kesetimbangan penyebaran penyakit DBD serta dinamika penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember menggunakan model epidemik stokastik.
- b. Menganalisis penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember dengan interpolasi.

### **1.4 Manfaat**

Manfaat dari penelitian ini adalah dapat mengetahui titik kesetimbangan penyebaran penyakit DBD serta dinamika penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember dan mengetahui probabilitas sebuah infeksi baru, kesembuhan suatu individu dan kematian dari suatu individu terinfeksi pada penderita penyakit DBD di Kabupaten Jember.

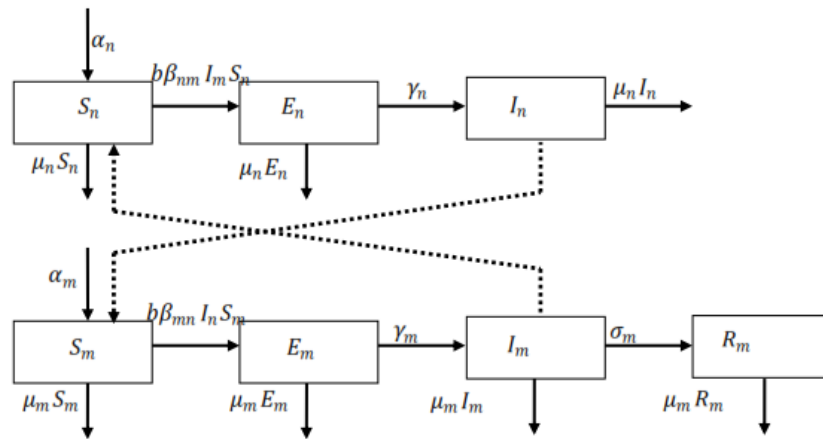
## **BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA**

### **2.1 Demam Berdarah *Dengue* (DBD)**

Demam Berdarah *Dengue* (DBD) adalah penyakit menular yang ditularkan oleh nyamuk *aedes aegypti*. Terdapat tiga nyamuk *Aedes* yang menjadi vektor dalam penyebaran penyakit ini, yaitu nyamuk *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus* dan *Aedes scutellaris*. Demam dengue disebabkan oleh salah satu dari 4 serotipe virus yang berbeda antigen. Virus ini adalah kelompok *Flavivirus* dan serotipenya adalah DEN-1, DEN-2, DEN-3, DEN-4. Kasus demam berdarah yang terjadi di Indonesia kebanyakan disebabkan oleh virus *Dengue* berserotipe DEN-2.

Menurut Setyawan (2011), Periode laten pada penyakit DBD dibagi menjadi dua, yaitu periode laten untuk manusia dan periode laten untuk nyamuk. Rata-rata periode laten untuk pada nyamuk adalah 7 hari. Periode infektivitas penyakit DBD pada manusia adalah 4 hari, sedangkan pada nyamuk akan menjadi infeksiif selamanya.

Menurut Setyawan (2011), populasi pada model epidemik DBD dibagi menjadi empat yaitu populasi *susceptible*, *exposed*, *infected* dan *recovered*. Model epidemik penyakit DBD dengan kompartemen seperti pada gambar 2.1 berikut.



Gambar 2.1 Kompartemen model epidemik DBD

$S_m$  merupakan populasi manusia yang sehat dan rentan terhadap penyakit.  $E_m$  adalah populasi manusia yang terinfeksi penyakit tetapi tidak bisa menularkan penyakit ke individu lain.  $I_m$  merupakan populasi manusia yang terinfeksi penyakit dan dapat menularkan ke individu lain.  $R_m$  adalah populasi manusia yang sembuh dari penyakit dan mempunyai kekebalan.  $S_n$  adalah populasi nyamuk *susceptible*,  $E_n$  adalah populasi nyamuk *exposed*,  $I_n$  adalah populasi nyamuk *infected*.  $\alpha_m, \alpha_n$  merupakan laju kelahiran pada manusia dan nyamuk.  $\mu_m, \mu_n$  merupakan laju kematian pada manusia dan nyamuk. Rata-rata gigitan nyamuk pada manusia dinyatakan dengan  $b$ .  $\beta_{mn}$  merupakan probabilitas penularan.  $\gamma_m, \sigma_m$  merupakan laju inkubasi dan laju penyembuhan.

## 2.2 Persamaan Diferensial

Persamaan diferensial adalah persamaan yang mengandung beberapa turunan dari suatu fungsi. Persamaan diferensial dibagi menjadi dua, yaitu persamaan diferensial biasa dan persamaan diferensial parsial.

Persamaan diferensial biasa adalah persamaan yang memuat turunan terhadap fungsi yang memuat satu variabel bebas. Jika  $x$  adalah fungsi dari  $t$ , maka contoh persamaan diferensial biasa seperti pada persamaan (2.1).

$$\frac{dx}{dt} = t^2 \cos x \quad (2.1)$$

Order dari persamaan diferensial adalah turunan tertinggi pada fungsi tak diketahui (peubah bebas) yang muncul dalam persamaan diferensial. Persamaan diferensial (2.1) memiliki orde satu (Campbell & Haberman, 2008).

Persamaan diferensial biasa dibedakan menjadi persamaan diferensial biasa linier dan persamaan diferensial biasa nonlinier. Hal ini didasarkan pada sifat kelinieran dari peubah tak bebasnya.

a. Persamaan Diferensial Biasa Linier

Bentuk umum dari persamaan diferensial biasa linier sebagai berikut:

$$a_n(t) \frac{d^n x}{dt^n} + a_{n-1}(t) \frac{d^{n-1} x}{dt^{n-1}} + \dots + a_1(t) \frac{dx}{dt} + a_0(t)x = f(t) \quad (2.2)$$

Dengan  $a_n \neq 0$ ,  $a_n, a_{n-1}, \dots, a_0$  disebut koefisien persamaan diferensial. Fungsi  $f(t)$  disebut *input* dan solusi dari persamaan diferensial  $x(t)$  disebut *output*. Jika ruas kanan  $f(t)$  bernilai 0 untuk semua nilai  $t$  dalam interval yang ditinjau, maka persamaan ini disebut homogen, jika sebaliknya disebut nonhomogen (Campbell & Haberman, 2008). Contoh dari persamaan diferensial biasa linier sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{d^3 x}{dt^3} + x &= \sin t \\ \frac{dx}{dt} &= 3x + 4t \\ \frac{dx}{dt} &= 8x \end{aligned} \quad (2.3)$$

Persamaan (2.3) merupakan PDB linier order 3, PDB linier nonhomogen order 1 dan PDB linier homogen order 1.

b. Persamaan Diferensial Biasa Nonlinier

Persamaan diferensial biasa disebut persamaan biasa nonlinier jika tidak dapat dinyatakan dalam bentuk (2.2). Berikut contoh dari persamaan diferensial biasa nonlinier.

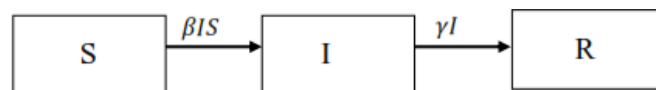
$$\begin{aligned}\frac{d^3x}{dt^3} + x^2 &= \sin t \\ \frac{dx}{dt} + x^2 &= 0\end{aligned}\quad (2.4)$$

Persamaan (2.4) merupakan PDB nonlinier nonhomogen order 2 dan PDB nonlinier homogen order 1.

### 2.3 Model SIR

SIR merupakan model epidemik dengan karakteristik bahwa setiap individu rentan terinfeksi suatu penyakit, kondisi ini dinotasikan dengan  $S$  (*Susceptibles*), individu yang rentan terinfeksi tersebut berinteraksi dengan individu yang terinfeksi, dan akhirnya terinfeksi. Individu yang terinfeksi tersebut dinotasikan dengan  $I$  (*infected*). Dengan pengobatan medis atau proses alam, individu yang terinfeksi mungkin akan sembuh, yang dinotasikan dengan  $R$  (*removed*). Adapun contoh penyakit yang model penyebarannya merupakan model epidemik SIR adalah campak, cacar dan gondong (Hardiningsih, 2010).

Kompartemen model SIR dapat dilihat pada Gambar 2.1 berikut.



Gambar 2.2 Kompartemen model SIR klasik

Sehingga formulasi untuk model SIR klasik adalah:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta IS & S(0) &= S_0 > 0 \\ \frac{dI}{dt} &= \beta IS - \gamma I & I(0) &= I_0 > 0 \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I & R(0) &= R_0 \geq 0\end{aligned}$$

$$N = S + I + R, \beta > 0, \gamma > 0$$

Asumsi Model SIR diatas sebagai berikut:

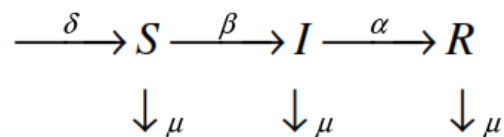
- Penyakit dapat disembuhkan, tidak menyebabkan kematian;
- Hanya menular melalui kontak langsung dengan penderita;

- c. Seseorang yang pernah sembuh dari penyakit tersebut tidak akan terserang lagi, karena telah mempunyai kekebalan;
- d. Populasi tetap (tidak ada kelahiran dan kematian);
- e. Tidak ada masa inkubasi apabila terjadi proses penularan;
- f. Masa terjangkit cukup lama (Riyanto, 2008)

$\beta$  merupakan probabilitas penularan.  $\beta = \frac{R}{ND}$  dimana  $R$  adalah jumlah individu yang melakukan kontak efektif dengan setiap orang dalam populasi selama periode *infectious*,  $D$  adalah rata-rata durasi infektivitas dan  $N$  adalah jumlah populasi.  $\beta I$  adalah rata-rata jumlah kontak efektif dengan populasi *infected* persatuan waktu dan  $\beta IS$  adalah laju perpindahan dari kompartemen *susceptible* ke *infected*.  $\gamma$  adalah laju kesembuhan dan  $\gamma I$  adalah laju perpindahan dari kompartemen *infected* ke *recovered*.

#### 2.4 Model SIR dengan Kelahiran dan Kematian

Model SIR dikembangkan lebih lanjut berdasarkan asumsi asumsi yang telah dibuat pada model SIR pertama, tetapi ada perbedaan yaitu dengan asumsi bahwa dalam populasi terjadi proses kelahiran dan kematian. Laju kematian  $\mu$  konstan, laju kelahiran  $\delta$  konstan. Model SIR ini dapat dilihat pada Gambar 2.3.



Gambar 2.3 Model SIR dengan kelahiran dan kematian

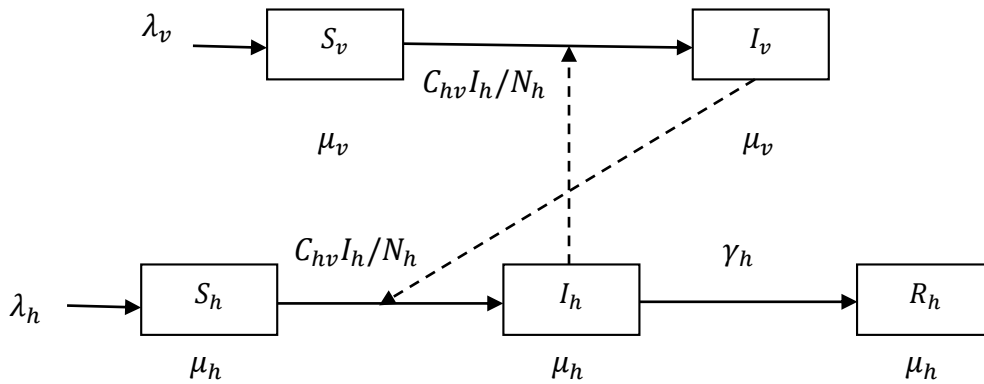
Dengan demikian, dapat diperoleh model matematis berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \delta - \beta SI - \mu S \\
 \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \mu I - \alpha I \\
 \frac{dR}{dt} &= \alpha I - \mu R
 \end{aligned}$$

(Riyanto, 2008).

## 2.5 Model SIR Penyebaran Penyakit DBD

Model penyebaran penyakit DBD dapat dilihat pada diagram kompartemen berikut:



Gambar 2.4 Model SIR penyebaran penyakit DBD

Formulasi untuk model di atas sebagai berikut:

$$\frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - (\mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h}) S_h$$

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

$$\frac{dR_h}{dt} = p S_h + \gamma_h I_h - \mu_h R_h$$

$$\frac{dS_v}{dt} = \mu_v N_v - (\mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h}) S_v$$

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

$$S_h + I_h + R_h = N_h \text{ dan } S_v + I_v = N_v$$

$S_v$  : populasi nyamuk yang rentan terinfeksi.

$I_v$  : populasi nyamuk yang terinfeksi.

$S_h$  : populasi manusia yang rentan terinfeksi.

$I_h$  : populasi manusia yang terinfeksi.

$R_h$  : populasi manusia yang sembuh.

$N_h$  : total populasi manusia.

$N_v$  : total populasi nyamuk.

$\lambda_h$  : laju kelahiran manusia.

$\lambda_v$  : laju kelahiran nyamuk.

$\mu_h$  : laju kematian manusia.

$\mu_v$  : laju kematian nyamuk.

$p$  : fraksi acak manusia rentan imunisasi.

$\gamma_h$  : proporsi perpindahan manusia terinfeksi ke manusia sembuh.

$C_{hv}$  : peluang terjadinya kontak antara nyamuk rentan dengan manusia terinfeksi.

$C_{vh}$  : peluang terjadinya kontak antara nyamuk terinfeksi dengan manusia rentan.

(Mangobi, 2011).

## 2.6 Linierisasi

Linierisasi adalah proses hampiran persamaan diferensial tak linier dengan persamaan linier. Menurut Hardiningsih (2010), linierisasi digunakan untuk menyelesaikan suatu sistem autonomous yang berbentuk:

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= f(x, y) \\ \frac{dy}{dt} &= g(x, y)\end{aligned}\tag{2.5}$$

Dimana  $f$  dan  $g$  adalah tak linier. Jika  $(x_0, y_0)$  adalah titik kritis dari sistem (2.5) maka:

$$f(x_0, y_0) = 0$$

$$g(x_0, y_0) = 0$$

Selanjutnya akan dicari pendekatan sistem linier jika  $(x, y)$  di sekitar titik  $(x_0, y_0)$  dengan melakukan ekspansi menurut deret Taylor di sekitar titik  $(x_0, y_0)$  dengan menghilangkan suku tak liniernya sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= f(x_0, y_0) + \frac{\partial f}{\partial x}(x_0, y_0)(x - x_0) + \frac{\partial f}{\partial y}(x_0, y_0)(y - y_0) \\ \frac{dy}{dt} &= g(x_0, y_0) + \frac{\partial g}{\partial x}(x_0, y_0)(x - x_0) + \frac{\partial g}{\partial y}(x_0, y_0)(y - y_0)\end{aligned}$$



Bila dilakukan substitusi  $x - x_0 = u$  dan  $y - y_0 = v$ , maka  $\frac{dx}{dt} = \frac{du}{dt}$  dan  $\frac{dy}{dt} = \frac{dv}{dt}$ , pada keadaan setimbang  $f(x_0, y_0) = g(x_0, y_0) = 0$  sehingga diperoleh persamaan linier sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{du}{dt} &= \frac{\partial f}{\partial x}(x_0, y_0)u + \frac{\partial f}{\partial y}(x_0, y_0)v \\ \frac{dv}{dt} &= \frac{\partial g}{\partial x}(x_0, y_0)u + \frac{\partial g}{\partial y}(x_0, y_0)v\end{aligned}$$

Sistem tersebut dapat ditulis dalam bentuk matriks

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = A_0 \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} \text{ dimana } A = \begin{bmatrix} f_x & f_y \\ g_x & g_y \end{bmatrix} \quad (2.6)$$

Dengan  $A = A_0$  pada  $x = x_0, y = y_0$ . Matriks (2.6) disebut matriks Jacobian, dimana ukuran matriks tergantung pada banyaknya persamaan yang menyusun sistem persamaan diferensial akar-akar karakteristik matriks Jacobian itu akan menentukan kestabilan sistem persamaan diferensial linier (Hardiningsih, 2010).

## 2.7 Kestabilan dan Akar Karakteristik

Sistem persamaan diferensial linier dengan koefisien konstan

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= ax + by \\ \frac{dy}{dt} &= cx + dy\end{aligned} \quad (2.7)$$

Dimana  $a, b, c, d$  adalah kostanta dan jika  $ad - bc \neq 0$ , maka persamaan (2.7) mempunyai titik (0,0) sebagai satu-satunya titik kritis. Penyelesaian persamaan (2.22) merupakan kombinasi linier dari  $e^{rt}$  dimana  $r$  adalah akar-akar karakteristik dari

$$r^2 - (a + d)r + (ad - bc) = 0 \quad (2.8)$$

Yaitu  $r = \frac{(a+d) \pm \sqrt{(a+d)^2 - 4(ad-bc)}}{2}$ . Menurut Hardiningsih (2010), bagian real dari akar-akar karakteristik persamaan (2.8) menentukan sifat kestabilan titik kesetimbangan dari sistem (2.7).

### Teorema 2.1

- a. Titik kesetimbangan (0,0) dari sistem persamaan (2.7) stabil jika dan hanya jika kedua akar dari persamaan karakteristiknya adalah real dan negatif atau mempunyai bagian real tak positif.
- b. Titik kesetimbangan (0,0) dari sistem persamaan (2.7) stabil asimtotis jika dan hanya jika kedua akar dari persamaan karakteristiknya adalah real dan negatif atau mempunyai bagian real yang negatif.
- c. Titik kesetimbangan (0,0) dari sistem persamaan (2.7) tidak stabil jika salah satu (atau kedua) akar dari persamaan karakteristiknya real dan positif atau jika paling sedikit satu akar mempunyai bagian real yang positif (Hardiningsih, 2010).

### 2.8 Kriteria Kestabilan *Routh-Hurwitz*

Kriteria kestabilan *Routh-Hurwitz* merupakan suatu metode yang digunakan untuk menunjukkan kestabilan sistem dengan memperhatikan koefisien dari persamaan karakteristik tanpa menghitung akar-akar secara langsung. Jika persamaan polinom adalah persamaan karakteristik, maka metode ini dapat digunakan untuk menentukan kestabilan dari suatu sistem. Prosedurnya adalah sebagai berikut.

- a. Persamaan polinom orde  $n$  ditulis dalam bentuk sebagai berikut:

$$a_0s^n + a_1s^{n-1} + a_2s^{n-2} + a_3s^{n-3} + \dots + a_{n-1}s + a_n = 0$$

Dengan koefisien-koefisien adalah besaran nyata dan  $a_n \neq 0$ .

- b. Bila ada koefisien yang bernilai 0 atau negatif disamping adanya koefisien positif, maka hal ini menunjukkan ada satu akar atau akar-akar imajiner atau memiliki bagian real positif (sistem tak stabil). Kondisi perlu (tetapi belum cukup) untuk stabil adalah semua koefisien persamaan polinom positif dan lengkap.

- c. Bila semua koefisien positif, buat tabel *Routh* seperti yang ditunjuk pada tabel 2.1.

Tabel 2.1 Tabel *Routh*

$S^n$	$a_0$	$a_2$	$a_4$	$a_6$	...	$a_{n-1}$
$S^{n-1}$	$a_1$	$a_3$	$a_5$	$a_7$	...	$a_n$
$S^{n-2}$	$b_1$	$b_2$	$b_3$	$b_4$	...	$b_n$
$S^{n-3}$	$c_1$	$c_2$	$c_3$	$c_4$	...	$c_n$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$				
$S^0$						

Dimana nilai  $b_i, c_i, \dots$  didefinisikan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 b_1 &= \frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1} & c_1 &= \frac{b_1 a_3 - a_1 b_2}{b_1} \\
 b_2 &= \frac{a_1 a_4 - a_0 a_5}{a_1} & c_2 &= \frac{b_1 a_5 - a_1 b_3}{b_1} \\
 b_3 &= \frac{a_1 a_6 - a_0 a_7}{a_1} & c_3 &= \frac{b_1 a_7 - a_1 b_4}{b_1} \\
 &\vdots & &\vdots \\
 &\vdots & &\vdots \\
 &\vdots & &\vdots \\
 b_n &= \frac{a_1 a_{2n} - a_0 a_{2n+1}}{a_1} & c_n &= \frac{b_1 a_{2n+1} - a_1 b_{n+1}}{b_1}
 \end{aligned}$$

- d. Banyaknya akar tak stabil dapat dilihat dari banyaknya perubahan tanda pada kolom pertama tabel *Routh*.

- e. Syarat perlu untuk stabil adalah koefisien dari persamaan karakteristik positif dan syarat cukup untuk stabil adalah semua suku pada kolom pertama tabel *Routh* bertanda positif.

Kriteria *Routh-Hurwitz* tidak dapat menjelaskan bagaimana memperbaiki kestabilan relatif atau bagaimana menstabilkan sistem tak stabil, tetapi dapat digunakan untuk menentukan batas penguatan suatu sistem agar masih stabil (Wahab W & Subiantoro A, Tanpa Tahun).

## 2.9 Proses Stokastik

### Definisi 2.1

Suatu proses stokastik adalah himpunan/koleksi dari peubah acak (variabel random).  $\{X_t(s): t \in T, s \in S\}$  dengan  $T$  adalah beberapa himpunan indeks disebut *parameter space* dan  $S$  adalah ruang sampel dari peubah acak disebut *state space*.

- Untuk setiap  $t$  tertentu,  $X_t(s)$  dinyatakan suatu peubah acak yang didefinisikan pada  $S$
- Untuk setiap  $s$  tertentu,  $X_t(s)$  berhubungan dengan fungsi yang didefinisikan pada  $T$  yang disebut lintasan sampel (Hardiningsih, 2010).

## 2.10 Rantai Markov Waktu Diskrit

Menurut Hardiningsih (2010), proses stokastik markov adalah suatu proses stokastik dimana perilaku yang akan datang (besok) dari sistem hanya bergantung pada keadaan sekarang dan tidak bergantung pada keadaan yang lalu, atau dapat dikatakan hanya bergantung pada keadaan satu langkah kebelakang.

### Definisi 2.2

Suatu proses stokastik dengan waktu diskrit  $\{X_n\}_{n=0}^{\infty}$  pada *state space*  $S$  dikatakan mempunyai sifat Markov atau Rantai Markov Waktu Diskrit (DTMC) jika:

$$\begin{aligned} \text{Prob}(X_{n+1} = x_{n+1} | X_0 = x_0, \dots, X_n = x_n) \\ = \text{Prob}(X_{n+1} = x_{n+1} | X_n = x_n) \end{aligned}$$

Atau

$$\begin{aligned} \text{Prob}(X_{n+1} = j | X_n = i, X_{n-1}, \dots, X_0) \\ = \text{Prob}(X_{n+1} = j | X_n = i) \end{aligned}$$

### Definisi 2.3

Probabilitas transisi satu langkah (One step transition probability) dinyatakan sebagai  $p_{ij}(n)$ , yang didefinisikan sebagai berikut:

$$p_{ij}(n) = \text{Prob}\{X_{n+1} = j | X_n = i\} \quad i, j \in S$$

Untuk DTMC waktu homogen  $p_{ij}(n) = p_{ij}$ . Maka  $p_{ij} > 0$  berarti terdapat transisi dari  $i$  ke  $j$ .

### Definisi 2.4

Probabilitas transisi  $n$  langkah dinyatakan dengan  $p_{ij}^{(n)}$  adalah probabilitas Bergeraknya atau *transferring* dari state  $i$  ke state  $j$  dalam  $n$  langkah waktu, didefinisikan:

$$p_{ij}^{(n)} = \text{Prob}\{X_{n+1} = j | X_0 = i\}$$

Matriks transisi  $n$  langkah dinyatakan dengan  $p^n = (p_{ij}^{(n)})$ .

Untuk kasus  $n=0$  dan  $n=1$ , maka  $(p_{ij}^{(n)}) = p^n$  dan

$$p_{ij}^{(0)} = \delta_{ij} = \begin{cases} 1, & i = j \\ 0, & i \neq j \end{cases}$$

Dengan

$\delta_{ij}$  : Simbol Kronecker delta

Elemen-elemen dari  $P^n$  adalah probabilitas transisi  $n$  langkah pada  $p_{ij}^{(n)}$  (Hardiningsih, 2010).

## 2.11 Model Epidemik SIR Stokastik dengan Jumlah Populasi Konstan

Menurut Hardiningsih (2010), model epidemik SIR stokastik pada waktu diskrit merupakan Rantai Markov dengan *state space* berhingga. Model epidemik

SIR stokastik merupakan proses bivariat yang tergantung pada dua variabel random  $I$  dan  $R$ , yang masing-masing menyatakan jumlah individu yang terinfeksi dan jumlah individu yang sembuh. Ukuran populasi diasumsikan konstan dan dinotasikan dengan  $N$ . Variabel random  $I$  dan  $R$  mengambil nilai dari  $i, r \in \{0, 1, 2, \dots, N\}$ , dengan  $t \in \{0, \Delta t, 2\Delta t, 3\Delta t, \dots\}$ . Jika  $\Delta t$  cukup kecil, model waktu diskrit analog dengan model waktu kontinu. Diasumsikan bahwa pada waktu  $\Delta t$  cukup kecil hanya terjadi satu kejadian.

Fungsi probabilitas bersama untuk Model Epidemik SIR Stokastik adalah  $p_{ir}(t) = Prob\{I(t) = i, R(t) = r\}$ , dimana  $i, r = 0, 1, 2, \dots, N$  dan  $0 \leq i + r \leq N$ . Misalkan:

- a.  $\prod_{ir} \Delta t = \tau(t)(N - i - r)\Delta t$  menyatakan probabilitas sebuah infeksi baru pada waktu  $\Delta t$ :

$$\begin{aligned} Prob\{I(t + \Delta t) = i + 1, R(t + \Delta t) = r | I(t) \\ = i, R(t) = r\} &= \prod_{ir} \Delta t \end{aligned}$$

- b.  $\gamma i \Delta t$  menyatakan probabilitas kesembuhan satu individu pada waktu  $\Delta t$

$$\begin{aligned} Prob\{I(t + \Delta t) = i - 1, R(t + \Delta t) \\ = r + 1 | I(t) = i, R(t) = r\} \\ &= \gamma i \Delta t \end{aligned}$$

- c.  $\beta i \Delta t$  menyatakan probabilitas kematian dari suatu individu terinfeksi pada waktu  $\Delta t$

$$\begin{aligned} Prob\{I(t + \Delta t) = i - 1, R(t + \Delta t) = r | I(t) \\ = i, R(t) = r\} &= \beta i \Delta t \end{aligned}$$

Sehingga didapat persamaan beda yang memenuhi fungsi probabilitas bersama  $p_{ir}(t)$  adalah:

$$\begin{aligned} p_{ir}(t + \Delta t) &= p_{i-1,r}(t) \prod_{i-1,r} \Delta t + p_{i+1,r}(t) \gamma \Delta t (i + 1) \\ &\quad + p_{i+1,r} \beta \Delta t (i + 1) + p_{i,r+1} \beta \Delta t (r + 1) \\ &\quad + p_{ir} [1 - \prod_{ir} \Delta t - \gamma i \Delta t - \beta (i + r) \Delta t] \end{aligned}$$

(Hardiningsih, 2010).

Pada model epidemik SIR deterministik, titik setimbang berhubungan dengan ada tidaknya individu terinfeksi di dalam populasi, sehingga selanjutnya pada model epidemik SIR stokastik dicari distribusi probabilitas individu terinfeksi. Karena diasumsikan bahwa pada waktu  $\Delta t$  hanya terjadi satu kejadian maka :

Untuk individu terinfeksi yaitu jika  $I(t) = i$  diperoleh  $I(t + \Delta t)$  yang hanya berubah ke  $i + 1, i, i - 1$ . Jadi, probabilitas transisi dari Model Epidemik SIR Stokastik untuk individu yang terinfeksi adalah:

$$\begin{aligned} p_{i,j} &= p_{i,i+1} \\ &= \text{Prob}\{I(t + \Delta t) = j = i + 1 | I(t) = i\} \\ &= \tau(t)\Delta t(N - i - r) \\ &= \prod_i \Delta t \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} p_{i,j} &= p_{i,i-1} \\ &= \text{Prob}\{I(t + \Delta t) = j = i - 1 | I(t) = i\} \\ &= \beta i \Delta t \\ &= (\beta + \gamma) i \Delta t \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} p_{i,j} &= p_{i,i} \\ &= \text{Prob}\{I(t + \Delta t) = j = i | I(t) = i\} \\ &= 1 - p_{i,i+1} - p_{i,i-1} \\ &= 1 - \prod_i \Delta t - (\beta + \gamma) i \Delta t \\ &= 1 - (\prod_i \Delta t + (\beta + \gamma) i) \Delta t \end{aligned}$$

Dan probabilitas  $p_i(t)$  memenuhi persamaan beda sebagai berikut:

$$\begin{aligned} p_i(t + \Delta t) &= p_{i-1} \prod_{i-1} \Delta t + p_{i+1} (\beta + \gamma) \Delta t (i + 1) + \\ &\quad p_i(t) [1 - \prod_i \Delta t - (\beta + \gamma) i \Delta t] \end{aligned}$$

$$p_0(t + \Delta t) = p_0(t),$$

Dengan  $i = 1, 2, \dots, N$  dan  $p_i(t) = 0$  untuk  $i \in \{0, 1, 2, \dots, N\}$  (Hardiningsih, 2010).

## 2.12 Mean Distribusi Probabilitas Individu Terinfeksi dan Analisis Kestimbangan Model Epidemik SIR Stokastik

Mean distribusi probabilitas untuk individu yang terinfeksi dinotasikan dengan  $\mu_i(t)$  dimana  $\mu_i(t) = \sum_{i=0}^N ip_i(t)$ . Keadaan setimbang pada model epidemik stokastik diperoleh dari  $\frac{d\mu_i}{dt} = 0$ . Keadaan setimbang ini disebut pula keadaan *steady state*. Diperoleh nilai  $\frac{d\mu_i}{dt}$  sebagai berikut:

$$\frac{d\mu_i(t)}{dt} = [R_0\xi_i - 1](\beta + \gamma)\mu_i(t)$$

$$\text{Dengan } \xi_i = \frac{\sum_{i=0}^N ip_i(t)\Pi_i}{\alpha \sum_{i=0}^N ip_i(t)}$$

Setelah didapatkan  $\frac{d\mu_i(t)}{dt}$  pada persamaan selanjutnya dianalisis kestimbangan model epidemik SIR stokastik yang diperoleh dari kestimbangan mean distribusi probabilitas individu terinfeksi yakni jika  $\frac{d\mu_i(t)}{dt} = 0$ .

- Ketika nilai  $\mu_i(t) = 0$  dapat disimpulkan bahwa di dalam populasi tidak terdapat individu terinfeksi atau dengan kata lain terjadi kestimbangan bebas penyakit yang diperoleh ketika  $R_0 < 1$ .
- Ketika nilai  $\xi_i = \frac{1}{R_0}$  dapat disimpulkan bahwa nilai  $\mu_i(t) \neq 0$  yang berarti bahwa terdapat individu yang terinfeksi di dalam populasi atau dengan kata lain terjadi kestimbangan endemik yang terjadi jika  $R_0 > 1$  (Hardiningsih, 2010)

## 2.13 Bilangan Reproduksi Dasar (*Basic Reproduction Number*)

Bilangan yang menyatakan banyaknya rata-rata individu efektif sekunder akibat tertular individu infeksi primer yang berlangsung di dalam populasi susceptible disebut bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ) (Guardiola & Vecchio, 2003). Bilangan reproduksi dasar dapat menentukan kemungkinan infeksi dalam suatu populasi. Menurut Rost dan Wu (2008), teorema tentang bilangan reproduksi dasar sebagai berikut.



### Teorema 2.2

- a. Titik kesetimbangan bebas penyakit (*disease free equilibrium*) adalah stabil asimtotik lokal jika  $R_0 < 1$  dan tidak stabil jika  $R_0 > 1$ .
- b. Jika  $R_0 < 1$  maka semua solusi konvergen ke titik kesetimbangan bebas penyakit (*disease free equilibrium*).
- c. Titik kesetimbangan endemik (*endemic equilibrium*) ada jika dan hanya jika  $R_0 > 1$ , dan juga jika titik kesetimbangan tersebut ada, maka titik kesetimbangan tersebut tunggal dan stabil asimtotik lokal.
- d. Jika  $R_0 > 1$  maka penyakit tersebut adalah endemik.

### 2.14 Interpolasi

Interpolasi merupakan proses mencari dan menghitung nilai dari suatu fungsi yang grafiknya melewati sekumpulan titik yang diberikan. Menurut Sahid (2004), titik titik tersebut mungkin merupakan hasil eksperimen dalam sebuah percobaan, atau diperoleh dari sebuah fungsi yang diketahui. Fungsi interpolasi biasanya dipilih dari sekelompok fungsi tertentu, salah satunya adalah fungsi polinomial yang paling banyak dipakai. Menurut Triatmodjo (2002), persamaan polinomial adalah persamaan aljabar yang mengandung jumlah variabel  $x$  berpangkat bilangan bulat (integer). Bentuk umum persamaan polinomial adalah

$$f(x) = a_0 + a_1x + a_2x^2 + \dots + a_nx^n$$

Dengan  $a_0, a_1, a_2, \dots, a_n$  adalah parameter yang akan dicari berdasarkan titik data,  $n$  adalah derajat (order) dari persamaan polinomial dan  $x$  adalah variabel bebas.

#### 2.2.1 Interpolasi Linier

Bentuk paling sederhana dari interpolasi adalah menghubungkan dua buah titik data dengan garis lurus. Metode ini disebut dengan interpolasi linier. Diketahui nilai suatu fungsi di titik  $x_0$  dan  $x_1$ , yaitu  $f(x_0)$  dan  $f(x_1)$ . Selanjutnya akan dicari nilai fungsi di titik  $x$ , yaitu  $f_1(x)$ . Indeks 1 pada  $f_1(x)$  menunjukkan bahwa interpolasi dilakukan dengan interpolasi polinomial order 1.

$$f_1(x) = f(x_0) + \frac{f(x_1) - f(x_0)}{x_1 - x_0} (x - x_0) \quad (2.8)$$

Persamaan (2.8) adalah rumus interpolasi linier, yang merupakan bentuk interpolasi linier order satu. Suku  $\frac{f(x_1) - f(x_0)}{x_1 - x_0}$  adalah kemiringan garis yang menghubungkan dua titik data dan merupakan perkiraan beda hingga turunan pertama. Semakin kecil interval antara titik data, hasil perkiraan akan semakin baik (Triatmodjo, 2002).

### 2.2.2 Interpolasi Kuadrat

Untuk mengurangi kesalahan pada interpolasi linier, maka perkiraan dilakukan dengan garis lengkung yang menghubungkan titik titik data. Apabila terdapat tiga titik data, maka perkiraan dapat dilakukan dengan polinomial order dua yang ditulis seperti berikut:

$$f_2(x) = b_0 + b_1(x - x_0) + b_2(x - x_0)(x - x_1) \quad (2.9)$$

Dimana  $b_0, b_1, b_2$  merupakan koefisien (Triatmodjo, 2002).

### 2.2.3 Bentuk Umum Interpolasi Polinomial

Bentuk umum polinomial order  $n$  adalah:

$$f_n(x) = b_0 + b_1(x - x_0) + \dots + b_n(x - x_0)(x - x_1) \dots (x - x_{n-1}) \quad (2.10)$$

Sama halnya dengan interpolasi linier dan kuadrat, titik-titik data dapat digunakan untuk mengevaluasi koefisien  $b_0, b_1, \dots, b_n$ . Untuk polinomial order  $n$ , diperlukan  $n + 1$  data  $x_0, x_1, x_2, \dots, x_n$ . Setelah koefisien  $b_0, b_1, \dots, b_n$  dan disubstitusi ke persamaan (2.10) diperoleh interpolasi polinomial order  $n$ .

$$f_n(x) = f(x_0) + f[x_1, x_0](x - x_0) + f[x_2, x_1, x_0](x - x_0)(x - x_1) \\ + \dots + f[x_n, x_{n-1}, \dots, x_1, x_0](x - x_0)(x - x_1) \dots (x - x_{n-1})$$

Dimana fungsi berkurung ([...]) adalah pembagian beda hingga (Triatmodjo, 2002).

### 2.2.4 Interpolasi Polinomial Lagrange

Interpolasi polinomial lagrange orde 1 tampak seperti persamaan (2.11) berikut.

$$f_1(x) = \frac{x - x_1}{x_0 - x_1} f(x_0) + \frac{x - x_0}{x_1 - x_0} f(x_1) \quad (2.11)$$

Secara umum bentuk interpolasi polinomial lagrange order  $n$  adalah:

$$f_n(x) = \sum_{i=0}^n L_i(x)f(x_i)$$

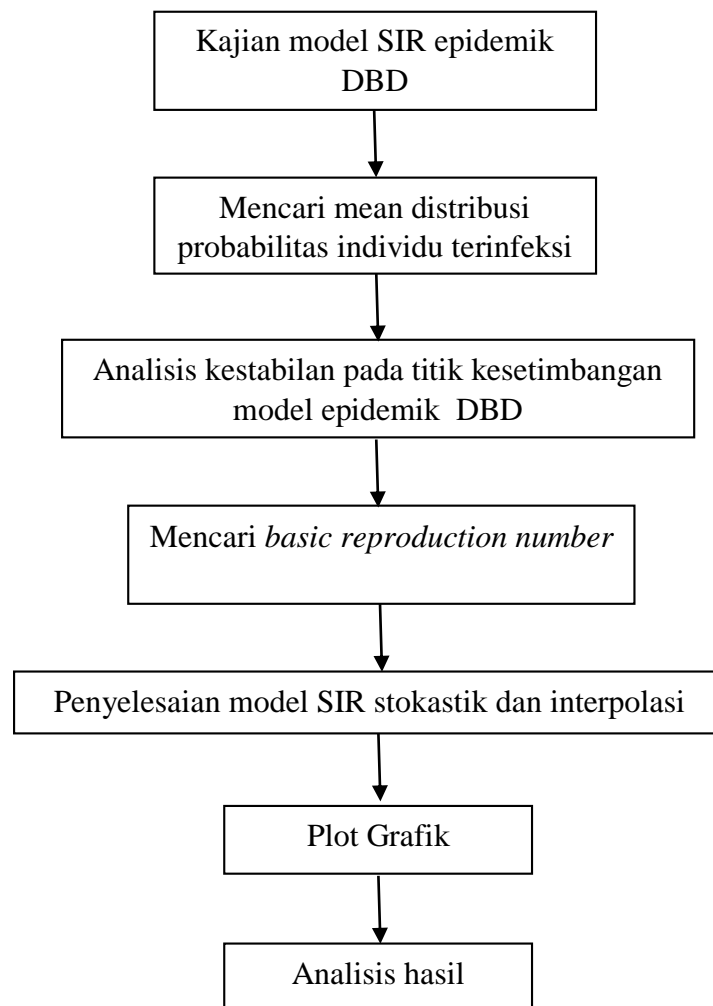
dengan

$$L_i(x) = \prod_{\substack{j=0 \\ j \neq i}}^n \frac{x-x_j}{x_i-x_j}$$

(Triatmodjo, 2002).

### BAB 3. METODELOGI PENELITIAN

Langkah-langkah yang akan dilakukan dalam penelitian analisis stabilitas pada penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Jember menggunakan metode SIR Stokastik tampak pada Gambar 3.1.



Gambar 3.1 Diagram metode penelitian

Penjelasan dari diagram metode penelitian di atas tampak seperti berikut:

- a. Pada tahap ini, peneliti akan mengkaji literatur-literatur mengenai model SIR epidemik DBD.
- b. Peneliti akan mencari mean distribusi probabilitas individu terinfeksi yang berhubungan dengan kesetimbangan pada model SIR stokastik. Kemudian dalam langkah ini juga didapatkan kesetimbangan model penyakit DBD yang diperoleh dari mean distribusi probabilitas individu terinfeksi.
- c. Peneliti akan menganalisis kestabilan model epidemik DBD, hal ini dapat dilakukan dengan melihat tanda pada akar-akar polinomial karakteristik dari matriks Jacobian.
- d. Peneliti akan mencari bilangan reproduksi dasar (*basic reproduction number*)  $R_0$  dari polinomial karakteristik bebas penyakit. Polinomial karakteristik dapat diperoleh dari matriks Jacobian yang dievaluasi di titik kesetimbangan bebas penyakit.
- e. Penyelesaian model SIR Stokastik dapat dilakukan dengan proses bivariat yang bergantung pada variabel random  $I$  dan  $R$ . Selain itu juga akan dilakukan penyelesaian interpolasi dengan menggunakan metode-metode interpolasi.
- f. Pada tahap ini akan dilakukan plotting sistem persamaan diferensial yang didapat dari model epidemik. Masukan awal yang digunakan berupa jumlah populasi *susceptible*  $S(0)$ , jumlah populasi *infected*  $I(0)$ , jumlah populasi *recovered*  $R(0)$ . Data ini diperoleh dari Dinas Kesehatan Kabupaten Jember dan Badan Pusat Statistik. Plot grafik menggunakan bantuan software Maple 13. Dari plot grafik ini dapat diketahui dinamika penyebaran penyakit DBD . Jika populasi *infected* bernilai nol seiring bertambahnya waktu maka penyakit hilang dari populasi, sebaliknya penyakit tidak hilang dari populasi dan bersifat endemik.

## BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN

### 4.1 Hasil

#### 4.1.1 Studi Kasus Model Epidemik DBD

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

##### a. Populasi Manusia

Laju kelahiran manusia atau  $\lambda_h$  dapat dihitung berdasarkan jumlah bayi yang lahir per unit waktu. Jumlah bayi yang lahir di Kabupaten Jember pada tahun 2012 yaitu 36.928 bayi. Jadi rata-rata kelahiran bayi perbulan adalah 3.077 bayi.

Pengaruh kematian akibat DBD pada model epidemik ini diabaikan karena jumlah kematian cenderung menurun.  $\mu_m$  atau laju kematian alami manusia dapat dihitung berdasarkan angka harapan hidup Kabupaten Jember. Menurut data dari Badan Pusat Statistik provinsi Jawa Timur, angka harapan hidup kabupaten jember adalah 63 tahun. Jadi laju kematian alami manusia adalah  $\mu_m = \frac{1}{\text{angka harapan hidup}} = \frac{1}{63 \text{ tahun}} = \frac{1}{756 \text{ bulan}} = 0,00132/\text{bulan}$ .

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

Pada tahun 2012 jumlah penduduk Kabupaten Jember yang sembuh dari penyakit DBD sebanyak 255 jiwa. Jadi  $R = 255$  jiwa. Rata-rata masa infektivitas untuk penyakit DBD pada manusia adalah 4 hari = 0,133/bulan. Sehingga proporsi perpindahan manusia terinfeksi ke manusia sembuh  $\gamma_h = \frac{1}{\text{masa infektivitas}} = \frac{1}{0,133 \text{ bulan}} = 7,52/\text{bulan}$ .  $N_v$  merupakan jumlah populasi nyamuk *Aedes aegypti* di Kabupaten Jember. Data mengenai jumlah nyamuk tidak tersedia, sehingga diasumsikan jumlah nyamuk *Aedes aegypti* di Kabupaten Jember pada tahun 2012 adalah 500.000 ekor. Hal ini didasarkan pada jumlah nyamuk betina yang sanggup bertelur sebanyak 100 butir telur. Setelah 24 jam kemudian, nyamuk tersebut menghisap darah lagi, selanjutnya kembali bertelur (Setyawan, 20011). Perkembangbiakan nyamuk *Aedes aegypti* begitu cepat sehingga diasumsikan 500.000 ekor. Jadi probabilitas penularan dari nyamuk *infected* ke manusia  $\beta_{vh} = \frac{R_h}{N_v \times D_h} = \frac{255}{500.000 \times 0,133 \text{ bulan}} = 0,0038/\text{bulan}$ .

#### b. Populasi Nyamuk

Nyamuk *Aedes aegypti* betina merupakan vektor utama penyebab DBD karena hanya nyamuk betina yang menggigit dan menghisap darah serta memilih darah manusia untuk mematangkan telurnya. Sedangkan nyamuk jantan tidak bisa menggigit dan hidup dari sari bunga tumbuh-tumbuhan. Rata-rata umur nyamuk *Aedes aegypti* adalah 45 hari (Setyawan, 2011). Ariyunita (2009) melakukan penelitian di Kecamatan patrang dan didapatkan rata-rata jumlah larva nyamuk *Aedes aegypti* adalah sekitar 81 ekor larva perbulannya dan seluruh kecamatan di Kabupaten Jember endemik sehingga diasumsikan jumlah larva di Kabupaten Jember sebanyak 2.000 ekor perbulan.

Laju kematian pada nyamuk  $\mu_v$  dapat diketahui dari angka harapan hidup nyamuk tersebut. Laju kematian nyamuk  $\mu_v = \frac{1}{\text{angka harapan hidup}} = \frac{1}{45 \text{ hari}} = \frac{1}{1,5 \text{ bulan}} = 0,67/\text{bulan}$ .

Data populasi nyamuk *Aedes aegypti* yang terinfeksi DBD tidak tersedia sehingga diasumsikan jumlah nyamuk *Aedes aegypti* yang terinfeksi di Kabupaten Jember pada bulan Desember 2012 adalah 200 ekor. Asumsi ini didasarkan pada *landing rate* sebesar 0,2 nyamuk betina dewasa *per man hour* (Soedarmo, 1983). Nyamuk menggigit biasanya dimulai dari 08.00 – 12.00 di pagi hari dan pukul 15.00 – 17.00 pada sore hari atau sekitar 6 jam. Menurut Setyawan (2011), dalam sehari ada 142 nyamuk yang menggigit manusia. Dengan mempertimbangkan aspek kematian alami dan dimangsa predator, maka diasumsikan jumlah nyamuk yang menggigit manusia adalah 200 ekor. Jadi  $R_v = 200$  ekor. Periode infektivitas maksimal untuk nyamuk adalah 26 hari atau 0,866 bulan. Jumlah populasi manusia di Kabupaten Jember adalah 2.345.851 jiwa atau  $N_h = 2.345.851$  jiwa. Jadi probabilitas penularan dari manusia *infected* ke nyamuk  $\beta_{hv} = \frac{R_v}{N_h \times D_v} = \frac{200}{2.345.851 \times 0,866 \text{ bulan}} = 0,000098/\text{bulan}$ .

Sehingga formulasi model epidemik DBD untuk Kabupaten Jember tampak seperti persamaan (4.1) berikut.

$$\frac{dS_h}{dt} = 0,00132 \times 2.345.851 - \left(0,00132 + 0,75 + \frac{22,5I_v}{2.345.851}\right) S_h \quad (4.1)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \frac{22,5I_v}{2.345.851} S_h - (0,00132 + 7,52) I_h \quad (4.2)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = 0,75 S_h + 7,52 I_h - 0,00132 R_h \quad (4.3)$$

$$\frac{dS_v}{dt} = 0,67 \times 500.000 - \left(0,67 + \frac{11,25I_h}{500.000}\right) S_v \quad (4.4)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{11,25I_h}{2.345.851} S_v - 0,67 I_v \quad (4.5)$$

$$S_h(0) = 2.345.336, I_h(0) = 260, R_h(0) = 255 \quad (4.6)$$

$$S_v(0) = 498.000, I_v(0) = 2.000 \quad (4.7)$$

#### 4.1.2 Titik Keseimbangan Model Epidemik DBD

Titik keseimbangan dari suatu penyakit DBD diperoleh pada saat *steady state* atau jika  $\frac{dS_h}{dt} = 0$ ,  $\frac{dI_h}{dt} = 0$ ,  $\frac{dS_v}{dt} = 0$ ,  $\frac{dI_v}{dt} = 0$ . Titik keseimbangan bebas



penyakit diperoleh jika  $I_h = 0$  dan  $I_v = 0$ , sedangkan titik kesetimbangan endemik diperoleh jika  $I_h \neq 0$  dan  $I_v \neq 0$ .

a. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit Model Epidemik DBD

Jika  $I_v = 0$  maka semua nyamuk masuk ke populasi susceptible dan tidak ada nyamuk yang terinfeksi. Artinya tidak ada nyamuk yang dapat menularkan penyakit. Jika  $I_h = 0$  maka semua manusia masuk ke populasi susceptible dan recovered serta tidak ada manusia yang terinfeksi dan tidak ada manusia yang dapat menularkan penyakit.

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

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

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

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

$$\mu_v N_v = \mu_v S_v$$

$$S_v = N_v$$

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

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

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

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

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

$$S_h = \frac{\mu_h N_h}{\mu_h + p}$$

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

b. Titik Kesetimbangan Endemik Model Epidemik DBD

Jika  $I_v \neq 0$  akan diperoleh ada nyamuk yang terinfeksi DBD dan dapat menyebabkan endemik. Jika  $I_h \neq 0$  maka akan diperoleh ada manusia yang

terinfeksi dan dapat menularkan penyakit serta menyebabkan endemik. Titik kesetimbangan endemik  $E^1 = (S_{v1}, I_{v1}, S_{h1}, I_{h1})$  adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS_v}{dt} &= 0 \\ \mu_v N_v - \left( \mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h} \right) S_v &= 0 \\ S_v &= \frac{\mu_v N_v}{\mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h}} \\ \frac{dI_v}{dt} &= 0 \\ \frac{c_{hv} I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v &= 0 \\ \mu_v I_v &= \frac{c_{hv} I_h}{N_h} S_v \\ I_v &= \frac{c_{hv} I_h}{N_h \mu_v} S_v \\ \frac{dS_h}{dt} &= 0 \\ \mu_h N_h - \left( \mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h} \right) S_h &= 0 \\ \left( \mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h} \right) S_h &= \mu_h N_h \\ S_h &= \frac{\mu_h N_h}{\mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h}} \\ \frac{dI_h}{dt} &= 0 \\ \frac{c_{vh} I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h &= 0 \\ (\mu_h + \gamma_h) I_h &= \frac{c_{vh} I_v}{N_h} S_h \\ I_h &= \frac{\frac{c_{vh} I_v}{N_h} S_h}{\mu_h + \gamma_h} \\ I_h &= \frac{c_{vh} I_v S_h}{N_h (\mu_h + \gamma_h)} \end{aligned}$$

Sehingga diperoleh titik endemik model epidemik DBD  $E^1 =$

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

### 4.1.3 Analisis Kestabilan

Setelah diperoleh titik kesetimbangan, selanjutnya akan dilakukan analisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit. Langkah pertama ada linierisasi sistem persamaan linier yang muncul pada model epidemik DBD. Persamaan-persamaan yang digunakan dalam proses linierisasi adalah sebagai berikut.

$$f(S_v, I_v, S_h, I_h) = \mu_v N_v - \left(\mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h}\right) S_v \quad (4.8)$$

$$g(S_v, I_v, S_h, I_h) = \frac{c_{hv} I_h}{N_h} S_v - \mu_v I_v \quad (4.9)$$

$$h(S_v, I_v, S_h, I_h) = \mu_h N_h - \left(\mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h}\right) S_h \quad (4.10)$$

$$i(S_v, I_v, S_h, I_h) = \frac{c_{vh} I_v}{N_h} S_h - (\mu_h + \gamma_h) I_h \quad (4.11)$$

Persamaan nonlinier (4.8) sampai dengan (4.11) dilinierisasi dan hasil dari linierisasi merupakan matriks Jacobian  $J$ .

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

Selanjutnya persamaan (4.8) sampai dengan (4.11) disubstitusikan ke matriks Jacobian  $J$ .

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

Titik kestabilan bebas penyakit  $E^0 = \left(N_v, 0, \frac{\mu_h N_h}{\mu_h + p}, 0\right)$  dievaluasi pada matriks Jacobian  $J$  sehingga didapat seperti berikut.

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

Untuk mencari nilai eigen  $\lambda$  matriks Jacobian yang berukuran  $4 \times 4$  dituliskan sebagai

$$(\lambda I - J)x = 0 \quad (4.12)$$

Dengan  $I$  adalah matriks identitas. Agar  $\lambda$  mempunyai nilai eigen, maka harus ada pemecahan tak nol dari persamaan (4.12). Persamaan (4.12) akan mempunyai pemecahan tak nol jika dan hanya jika:

$$\det(\lambda I - J) = 0 \quad (4.13)$$

Persamaan (4.13) adalah polinom karakteristik  $J$ . Persamaan karakteristik untuk matriks Jacobian yang dievaluasi di titik kesetimbangan bebas penyakit adalah sebagai berikut.

$$\begin{vmatrix} \lambda + \mu_v & 0 & 0 & \frac{c_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & \lambda + \mu_v & 0 & -\frac{c_{hv}N_v}{N_h} \\ 0 & \frac{c_{vh}S_h}{N_h} & \lambda + (\mu_h + p) & 0 \\ 0 & -\frac{c_{vh}S_h}{N_h} & -\frac{c_{vh}}{N_h} & \lambda + (\mu_h + \gamma_h) \end{vmatrix} = 0$$

Sehingga persamaan karakteristiknya adalah sebagai berikut.

$$\lambda^4 + \lambda^3(2\mu_h + \gamma_h + 2\mu_v + p) + \lambda^2(\mu_v^2 + \mu_h^2 + 4\mu_v\mu_h + 2\mu_v\gamma_h + \mu_h\gamma_h + p\mu_h + p\gamma_h + 2p\mu_h) + \lambda(2\mu_h\mu_v\gamma_h + 2p\mu_v\mu_h + 2\mu_h^2\mu_v + 2\mu_h\mu_v + \mu_v\gamma_h + \mu_v^2p) + \mu_v^2\mu_h^2 + \mu_v\mu_h\gamma_h + \mu_v^2p\mu_h + \mu_v^2p\gamma_h = 0$$

Untuk polinom selanjutnya, analisis kestabilan menggunakan kriteria *Routh-Hurwitz*. Misalkan:

$$a = 2\mu_h + \gamma_h + 2\mu_v + p$$

$$b = \mu_v^2 + \mu_h^2 + 4\mu_v\mu_h + 2\mu_v\gamma_h + \mu_h\gamma_h + p\mu_h + p\gamma_h + 2p\mu_h$$

$$c = 2\mu_h\mu_v\gamma_h + 2p\mu_v\mu_h + 2\mu_h^2\mu_v + 2\mu_h\mu_v + \mu_v\gamma_h + \mu_v^2p$$

$$d = \mu_v^2\mu_h^2 + \mu_v\mu_h\gamma_h + \mu_v^2p\mu_h + \mu_v^2p\gamma_h$$

Sehingga dapat dibuat tabel *Routh* seperti Tabel 4.1 berikut.

Tabel 4.1 *Routh 2*

$\lambda^4$	<b>1</b>	<b>b</b>	<b>d</b>
$\lambda^3$	A	c	0
$\lambda^2$	$\frac{ab-c}{a}$	$\frac{ad}{a} = d$	
$\lambda^1$	$\frac{\left(\frac{ab-c}{a}\right)c - ad}{\frac{ab-c}{a}} = 1 - \frac{ad}{b-c}$		
$\lambda^0$	D		

Karena semua suku positif maka sistem tersebut stabil dan didapat bilangan reproduksi dasar  $R_0 = \mu_v^2\mu_h^2 + \mu_v\mu_h\gamma_h + \mu_v^2p\mu_h + \mu_v^2p\gamma_h$ .

#### 4.1.4 Proses Stokastik

Model epidemik SIR stokastik DBD bergantung pada dua variabel random  $I$  dan  $R$ , yang masing masing menyatakan jumlah individu yang terinfeksi dan individu yang sembuh. Probabilitas sebuah infeksi baru pada waktu  $\Delta t$  dinyatakan sebagai berikut.

$$\begin{aligned}\prod_{ir} \Delta t &= \tau(t)(N - i - r)\Delta t \\ \text{Prob}\{I(t + \Delta t) = i + 1, R(t + \Delta t) = r | I(t) \\ &= i, R(t) = r\} = \prod_{ir} \Delta t\end{aligned}$$

$\Delta t$  diasumsikan sebesar 0,01 (Hardiningsih, 2010). Jumlah gigitan nyamuk perbulan adalah 30 gigitan. Sehingga diperoleh laju kontak per unit waktu atau  $\alpha = \frac{1}{30} = 0,033$ . Jadi dapat diperoleh  $\tau(t) = \frac{\alpha}{N} I(t) = \frac{0,033}{2345851} 260 = 0,0000037$ , diman  $\tau(t)$  adalah laju infeksi perunit waktu. Sehingga probabilitas infeksi baru  $\prod_{ir} \Delta t = 0,0000037(2.345.851 - 260 - 255) = 0,0087$ .

Jumlah individu yang sembuh pada tahun 2012 adalah 255 jiwa. Rata-rata individu sembuh perbulan adalah 21 jiwa. Sehingga laju kesembuhan dari individu yang terinfeksi  $\gamma = \frac{1}{21} = 0,05/\text{bulan}$ . Jadi dapat diperoleh probabilitas kesembuhan dari satu individu  $\text{Prob}\{I(t + \Delta t) = \gamma i \Delta t = 0,05 \times 260 \times 0,01 = 0,013$ .

Individu yang terinfeksi pada tahun 2012 adalah 260 jiwa, sehingga  $\beta = \frac{260}{2.345.851} = 0,00011$ . Jadi dapat diperoleh probabilitas kematian dari satu individu terinfeksi  $\text{Prob}\{I(t + \Delta t) = \beta i \Delta t = 0,00011 \times 260 \times 0,01 = 0,00029$ .

Menurut Hasanah *et al* (2012), periode infeksi  $\Delta t$  diasumsikan berdistribusi eksponensial dengan panjang rata-rata (mean)  $\frac{1}{\mu_I}$ , sehingga  $p(t)$  dapat dihitung dengan menggunakan rumus fungsi distribusi kumulatif dari distribusi eksponensial  $p(t) = 1 - e^{-\mu_I \Delta t}$ . Jumlah nyamuk yang terinfeksi pada tahun 2012 diasumsikan 2000 ekor. Sehingga  $\mu_I = \frac{1}{2000} = 0,0005$  dan  $p(t) = 1 - e^{-\mu_I \Delta t} = 1 - e^{-0,0005 \times 0,01} = 0,000005$ . Jadi nilai  $\mu_i(t) = \sum_{i=0}^N i p_i(t) = 260 \times 0,000005 =$

0,0013. Nilai  $\mu_i(t) \neq 0$  maka  $\xi_i = \frac{1}{R_0}$  yang berarti bahwa terdapat individu yang terinfeksi di dalam populasi atau dengan kata lain terjadi kesetimbangan endemik ( $R_0 > 1$ ).

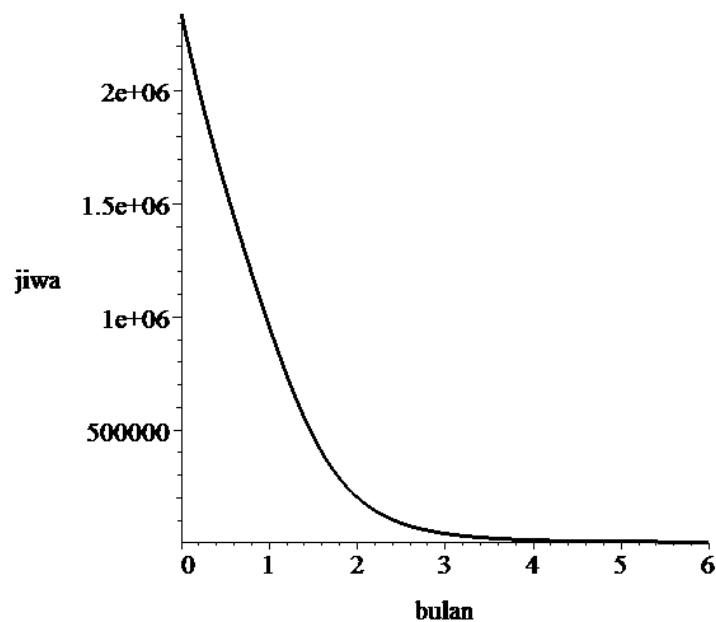
#### 4.1.5 Proses Interpolasi Individu Terinfeksi

Interpolasi merupakan salah satu metode yang digunakan untuk memodelkan suatu data pengukuran yang menghasilkan bentuk kontinu dari data diskrit. Untuk kasus penyakit DBD di Kabupaten Jember, digunakan data berupa individu terinfeksi selama sepuluh tahun terakhir yakni data dari tahun 2003 sampai data tahun 2012. Hasil interpolasi terlampir.

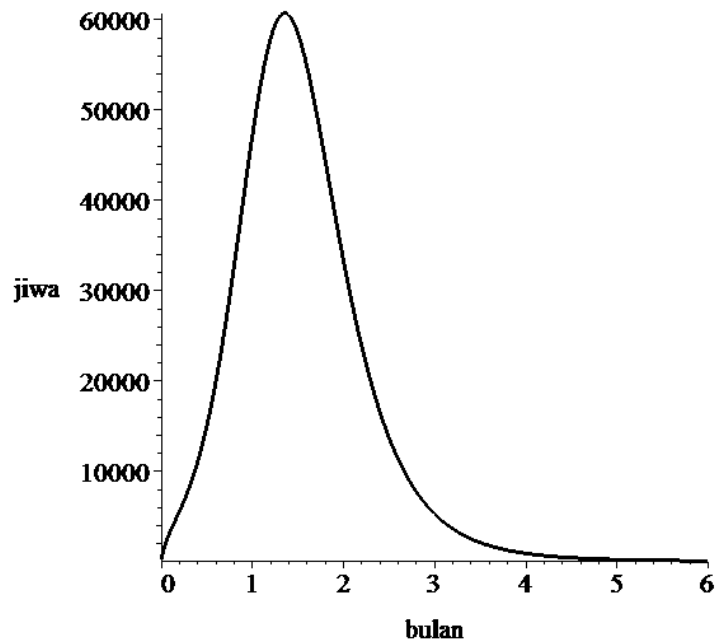
## 4.2 Pembahasan

### 4.2.1 Model SIR

Berdasarkan persamaan (4.1) sampai (4.7) diperoleh plot *susceptible* populasi manusia dari model epidemik DBD tampak pada Gambar 4.1 dan plot *infected* populasi manusia dari model epidemik DBD tampak pada Gambar 4.2 berikut.



Gambar 4.1 Plot *susceptible* populasi manusia



Gambar 4.2 Plot *infected* populasi manusia

Model epidemik DBD memiliki nilai  $R_0$  sebesar 2,54. Karena  $R_0 > 1$  maka titik kesetimbangan endemik

$$\begin{aligned}
 E^1 &= (S_{v1}, I_{v1}, S_{h1}, I_{h1}) \\
 &= \left( \frac{\mu_v N_v}{\mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h}}, \frac{c_{hv} I_h}{N_h \mu_v} S_v, \frac{\mu_h N_h}{\mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h}}, \frac{c_{vh} I_v S_h}{N_h (\mu_h + \gamma_h)} \right) \\
 &= (499.071,22; 946,2; 4.018,83; 5.981,76)
 \end{aligned}$$

dimana titik kesetimbangan endemik tersebut stabil asimtotik dan penyakit tersebut tidak hilang dari populasi serta menyebabkan endemik di Kabupaten Jember. Nilai  $R_0 > 1$  artinya setiap penderita dapat menularkan penyakit DBD kepada lebih dari satu penderita baru, sehingga dapat menyebarkan penyakit yang lebih luas.

Pada gambar 4.1 tampak bahwa populasi manusia *susceptible* berkurang. Hal ini disebabkan aliran masuk yang berupa kelahiran manusia  $\lambda_h = 3.077$  lebih kecil daripada aliran keluar berupa manusia *susceptible* yang terinfeksi DBD.

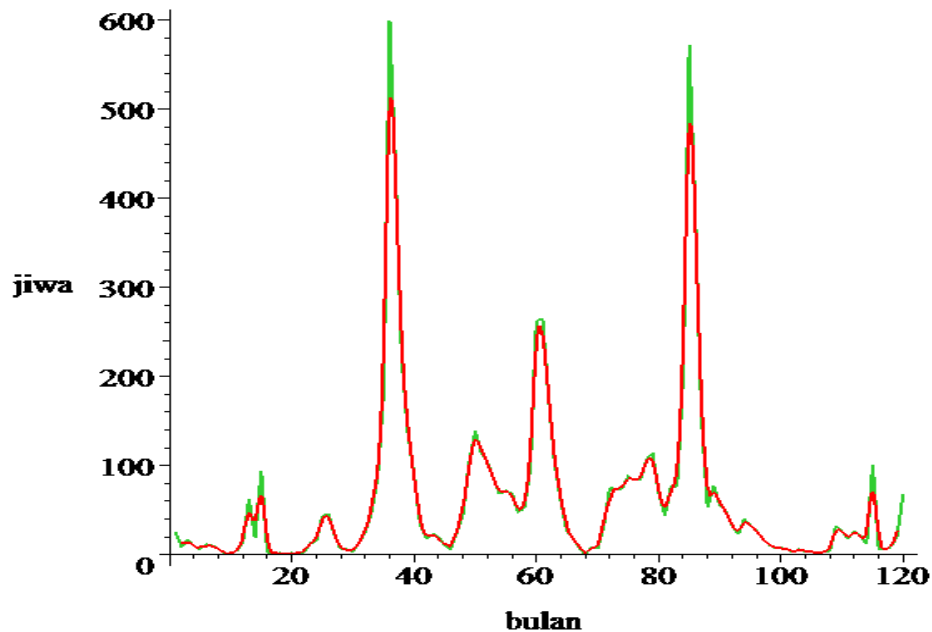


Selanjutnya manusia *susceptible* yang terinfeksi DBD akan memasuki kompartemen *infected*. Hal ini tampak pada Gambar 4.1 dan Gambar 4.2 dimana ketika populasi manusia *susceptible* menurun, populasi manusia *infected* cenderung bertambah pada 0,5 bulan pertama. Setelah melewati 1,5 bulan, populasi manusia *infected* mulai berkurang karena aliran keluar manusia *infected* lebih besar dari aliran masuknya.

#### 4.2.2 Stokastik

Pada proses stokastik, diperoleh probabilitas sebuah infeksi baru sebesar 0,0087, probabilitas kesembuhan dari satu individu sebesar 0,013, probabilitas kematian dari satu individu terinfeksi sebesar 0,00029. Hal ini disebabkan karena jumlah manusia terinfeksi cenderung sedikit jika dibandingkan dengan populasi manusia yang ada di Kabupaten Jember. Probabilitas kesembuhan lebih besar dari probabilitas kematian dikarenakan sebagian besar manusia yang terinfeksi memasuki kompartemen *recovered* (sembuh) dan jumlah kematian akibat DBD cenderung sedikit. Mean distribusi probabilitas individu yang terinfeksi  $\mu_i(t)$  pada model epidemik DBD SIR stokastik sebesar 0,0013. Nilai  $\mu_i(t) \neq 0$ , artinya terdapat individu yang terinfeksi di dalam populasi atau dengan kata lain terjadi kesetimbangan endemik ( $R_0 > 1$ ).

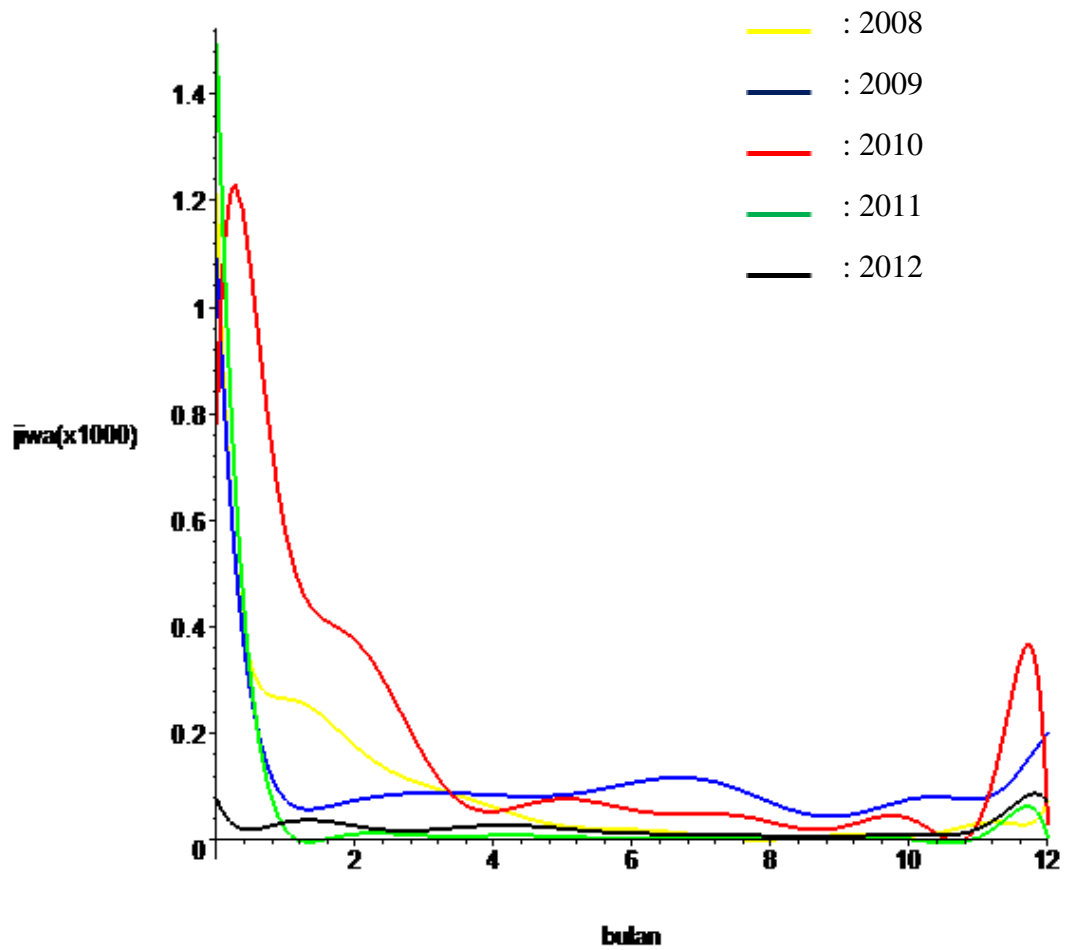
#### 4.2.3 Interpolasi



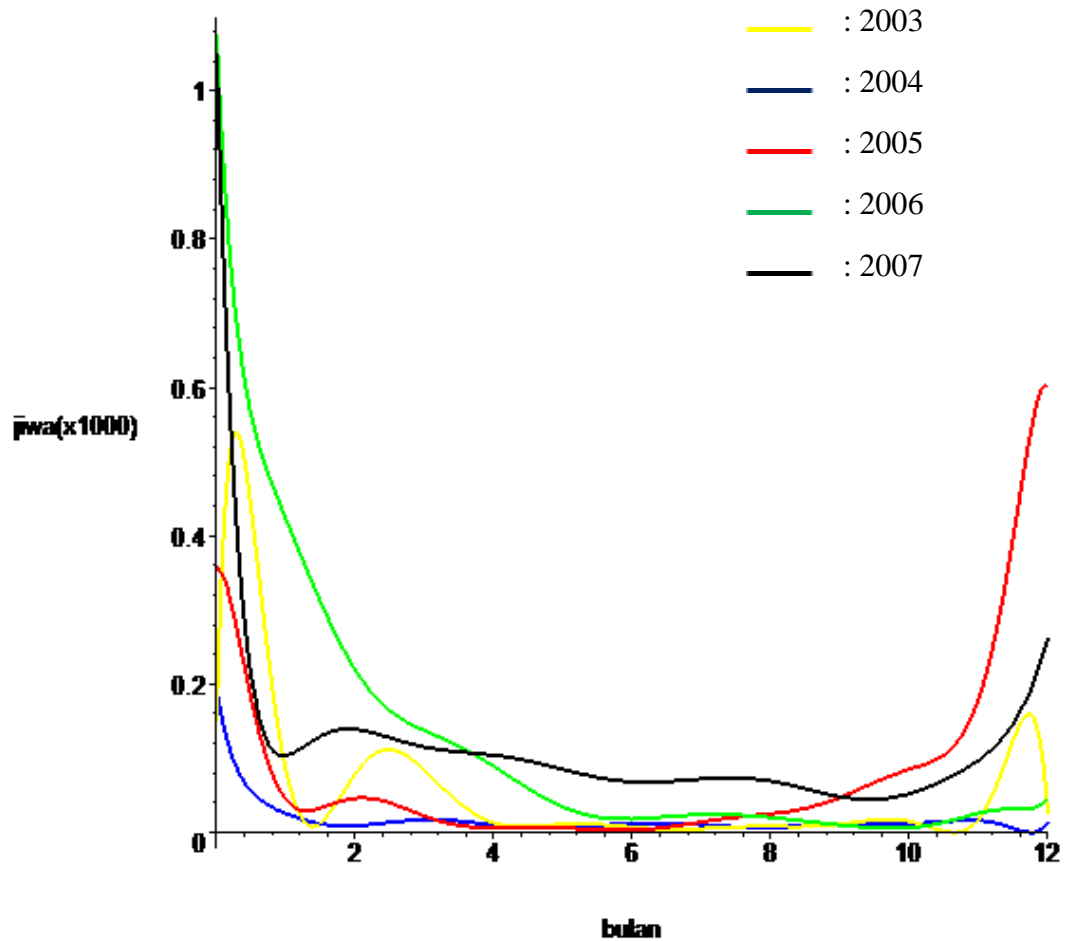
Gambar 4.3 *Spline Plot* manusia *infected*

Pada *splineplot* tersebut tampak bahwa jumlah manusia *infected* tertinggi di Kabupaten Jember terjadi pada bulan Desember 2005 sejumlah 599 jiwa. Empat tahun kemudian jumlah manusia *infected* mengalami kenaikan yang signifikan, yakni terjadi pada bulan Januari 2010 sejumlah 572 jiwa. Jadi dapat dikatakan bahwa penyakit DBD di Kabupaten Jember akan mencapai puncaknya setiap empat tahun sekali. Dari *splineplot* tersebut pula dapat dikatakan bahwa penyakit DBD di Kabupaten Jember bersifat endemik.

Pada proses interpolasi manusia *infected*, diperoleh grafik yang tampak pada Gambar 4.4 berikut.



Gambar 4.4 Plot kompartemen *infected* pada tahun 2008-2012



Gambar 4.5 Plot kompartemen *infected* pada tahun 2003-2007

Setelah dilakukan proses interpolasi manusia *infected* pada tahun 2003-2012, tampak bahwa manusia *infected* cenderung menurun. Hal ini disebabkan populasi manusia *infected* telah sembuh dan memasuki kompartemen *recovered*. Pada Gambar 4.4 tampak bahwa penderita *infected* mencapai puncaknya pada awal tahun 2011, nilai  $x_0$  pada tahun 2011 menggunakan jumlah penderita pada tahun 2010. Sedangkan pada Gambar 4.5 tampak bahwa manusia *infected* mencapai

puncaknya pada awal tahun 2007, nilai  $x_0$  pada tahun 2007 menggunakan jumlah penderita tahun 2006.

Jika dibandingkan Gambar 4.3, Gambar 4.4 dan Gambar 4.5 diperoleh siklus DBD di Kabupaten Jember mencapai puncak tertinggi setiap 4 tahun sekali atau dapat dikatakan siklus empat tahunan. Namun, jika dibandingkan Gambar 4.2 yang merupakan hasil dari proses diferensial dan Gambar 4.4 yang merupakan hasil proses interpolasi, ada perbedaan yang signifikan. Hal ini disebabkan pada proses interpolasi mengabaikan populasi manusia yang berada pada kompartemen *susceptible* dan kompartemen *recovered*.

Berdasarkan hal diatas, didapatkan hasil bahwa penyakit DBD endemik di Kabupaten Jember. Untuk itu diperlukan pemberantasan atau pemutusan rantai penularan nyamuk. Berikut beberapa upaya yang dapat dilakukan untuk memutus rantai penularan nyamuk.

- a. Melindungi diri dari gigitan nyamuk. Hal ini dapat dilakukan dengan cara pemasangan kasa pada jendela, menggunakan penolak nyamuk dan insektisida dalam bentuk semprot.
- b. Melakukan gerakan 3M yaitu menutup rapat tempat penampungan air, menguras secara rutin tempat-tempat penampungan air seperti bak mandi dan vas bunga dan mengubur kaleng bekas atau wadah-wadah kosong yang tidak terpakai.

Kajian ini memberikan hasil bahwa penyakit DBD tidak hilang dari Kabupaten Jember. Hal ini sesuai dengan data dari Dinas Kesehatan Kabupaten Jember dimana setiap tahunnya selalu ada manusia yang terinfeksi DBD. Angka tertinggi terjadi pada tahun 2010 yaitu 1.494 jiwa.

## BAB 5. PENUTUP

### 5.1 Kesimpulan

Berdasarkan uraian hasil dan pembahasan pada BAB 4 maka dapat disimpulkan sebagai berikut:

Model epidemik SIR Stokastik DBD untuk kasus di Kabupaten Jember berdasarkan data dari Dinas Kesehatan Kabupaten Jember dan Badan Pusat Statistik Kabupaten Jember yang menyebutkan bahwa seluruh penduduk Jember yakni 2.345.851 jiwa rentan terinfeksi penyakit DBD. Dari penelitian yang dilakukan diperoleh hasil bahwa:

- Penyakit DBD di Kabupaten Jember memiliki bilangan reproduksi dasar 2,54 yang artinya penyakit DBD bersifat endemik di Kabupaten Jember dan titik kesetimbangan endemik

$$\begin{aligned} E^1 &= (S_{v1}, I_{v1}, S_{h1}, I_{h1}) \\ &= \left( \frac{\mu_v N_v}{\mu_v + \frac{c_{hv} I_h}{N_h}}, \frac{c_{hv} I_h}{N_h \mu_v} S_v, \frac{\mu_h N_h}{\mu_h + p + \frac{c_{vh} I_v}{N_h}}, \frac{c_{vh} I_v S_h}{N_h (\mu_h + \gamma_h)} \right) \\ &= (499.071,22; 946,2; 4.018,83; 5.981,76). \end{aligned}$$

- Probabilitas sebuah infeksi baru sebesar 0,0087, probabilitas kesembuhan dari satu individu sebesar 0,013 dan populasi kematian dari satu individu terinfeksi sebesar 0,00029.
- Hasil model SIR dan interpolasi menunjukkan bahwa DBD bersifat endemik di Kabupaten Jember, artinya penyakit DBD tidak hilang di Kabupaten Jember.

## 4.2 Saran

Pada tugas akhir ini, kajian yang digunakan menggunakan model epidemik SIR stokastik. Model ini mengabaikan kompartemen *exposed* (kelas populasi laten), sehingga masih terdapat kemungkinan untuk peneliti selanjutnya menggunakan model epidemik yang lebih kompleks yakni model epidemik SEIR Stokastik.

## DAFTAR PUSTAKA

- Ariyunita, S. 2009. *Kepadatan Populasi Larva Nyamuk Aedes aegypti L. (Diptera:Culicidae) pada Sekolah-sekolah di Kecamatan Patrang Kabupaten Jember*. Tidak Diterbitkan. Jember: Universitas Jember.
- Buletin Jendela Epidemiologi. 2010. *Demam Berdarah Dengue*. <http://www.depkes.go.id/downloads/publikasi/buletin/BULETIN%20DBD.pdf> [20 November 2012].
- Campbell, S. L., & Haberman, R. 2008. *Introduction to Differential Equations with Dynamical System*. New Jersey: Princeton University Press.
- Derouich, M., Boutayeb, A., & Twizell, E. H. 2003. *A Model Dengue Fever*. <http://www.biomedical-engineering-online.com/content/2/1/4> [28 Maret 2013].
- Guardiola, J., & Vecchio, A. 2003. *The Basic Reproduction Number for Infections Dynamics Models and The Global Stability of Stationary Points*. <http://210.43.25.31/userfiles/sxyxxkx/zxy/zm/The%20basic%20reproducti%20on%20number%20for%20infections%20dynamics%20models%20and.pdf> [15 November 2012].
- Hardiningsih, A. Y. 2010. *Kajian Model Epidemik SIR Deterministik dan Stokastik pada Waktu Diskrit*. <http://digilib.its.ac.id/public/ITS-Undergraduate-13427-Paper.pdf> [15 November 2012].
- Hasanah, R., Wardhani, L. P., & Wahyudi, S. 2012. *Kajian Model Markov Waktu Diskrit Untuk Penyebaran Penyakit Menular pada Model Epidemik SIR*. <http://digilib.its.ac.id/public/ITS-paper-24033-1208100021-Paper.pdf> [1 April 2013].
- Mangobi, J. U. I. *Model Matematika Demam Berdarah Dengue dengan Nyamuk Aedes albopictus Sebagai Vektor*. <http://repository.ipb.ac.id/bitstream/handle/123456789/52101/2011jul.pdf?sequence=1> [28 Februari 2013].
- Pebwanartha, J. 2012. *Analisis Stabilitas pada Model Penyebaran Penyakit Demam Berdarah dengan Laju Kontak Bilinier*. Tidak Diterbitkan. Surabaya: ITS.



- Riyanto, M. Z. 2008. *Model Matematika SIR untuk Penyebaran Wabah Penyakit pada Suatu Populasi Tertutup*. [http://www.wahid.web.ugm.ac.id/download/paper/Model\\_Matematika\\_SIR.pdf](http://www.wahid.web.ugm.ac.id/download/paper/Model_Matematika_SIR.pdf) [20 November 2012].
- Rost, G., & Wu, J. 2008. *SEIR Epidemiological Model with Varying Infectivity and Infinite Delay*. <http://www.math.u-szeged.hu/~rost/papers/Rost2008MBE.pdf> [20 November 2012].
- Sahid. 2004. *Pengantar Komputasi Numerik*. <http://staff.uny.ac.id/sites/default/files/131930136/KomputasiNumerikBab4.pdf> [13 Februari 2013].
- Setyawan, A. 2011. *Analisis Stabilitas pada Penyebaran Penyakit Campak dan Demam Berdarah Dengue di Kabupaten Jember*. Tidak Diterbitkan. Jember: Universitas Jember.
- Soedarmo, S. S. P. 1983. *Demam Berdarah (Dengue) pada Anak*. Jakarta: Penerbit Universitas Indonesia.
- Triatmodjo, B. 2002. *Metode Numerik*. Yogyakarta: Betta Offset.
- Wahab, W. & Subiantoro, A. Tanpa Tahun. *Fundamental of Control System Stability Criterion-Routh Hurwitz*. <http://staff.ui.ac.id/internal/130702176/material/Lecture5-StabilityCriterion-Routh-HurwitzTest20Oct08.pdf> [16 April 2013]

## LAMPIRAN

### A. Skrip Model Epidemik DBD

```
> restart;
> with(plots):
> with(DEtools):
> eq1:=diff(S[h](t),t)=0.00132*2345851-
(0.00132+0.75+(22.5*i[v](t)/2345851))*S[h](t):
> eq2:=diff(i[h](t),t)=(22.5*i[v](t)/2345851)*S[h](t)-
(0.00132+7.52)*i[h](t):
> eq3:=diff(R[h](t),t)=0.75*S[h](t)+7.52*i[h](t)-0.00132*R[h](t):
> eq4:=diff(S[v](t),t)=0.67*500000-
(0.67+(11.25*i[h](t)/500000))*S[v](t):
> eq5:=diff(i[v](t),t)=(11.25*i[h](t)/2345851)*S[v](t)-
0.67*i[v](t):
>
initials:=[[S[h](0)=2345336,i[h](0)=260,R[h](0)=255,S[v](0)=498000
,i[v](0)=2000]]:
>
susceptible1:=DEplot([eq1,eq2,eq3,eq4,eq5],[S[h](t),i[h](t),R[h](t)
,S[v](t),i[v](t)],t=0..4,initials,scene=[t,S[h]],linecolor=black,
method=rkf45,stepsize=0.01,titlefont=[TIMES,ROMAN,18]):
>
infected1:=DEplot([eq1,eq2,eq3,eq4,eq5],[S[h](t),i[h](t),R[h](t),S
[v](t),i[v](t)],t=0..4,initials,scene=[t,i[h]],linecolor=black,met
hod=rkf45,stepsize=0.01):
> display(susceptible1,labels=[bulan,jiwa],font=[TIMES,ROMAN,16]):
> display(infected1,labels=[bulan,jiwa],font=[TIMES,ROMAN,16]):
```

## B. Skrip Interpolasi

```

> restart;
> with(plots):
> with(DEtools):
> with(CurveFitting):
>
a:=PolynomialInterpolation([[0,0.077],[1,0.033],[2,0.026],[3,0.018],
[4,0.027],[5,0.021],[6,0.012],[7,0.011],[8,0.007],[9,0.006],[10,
0.009],[11,0.021],[12,0.069]],x,form=Lagrange):
> expand(a):
>
a1:=plot(a,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=black):
>
b:=PolynomialInterpolation([[0,1.494],[1,0.018],[2,0.011],[3,0.008],
[4,0.008],[5,0.006],[6,0.003],[7,0.006],[8,0.004],[9,0.004],[10,
0.001],[11,0.004],[12,0.004]],x,form=Lagrange):
> expand(b):
>
b1:=plot(b,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=green):
>
c:=PolynomialInterpolation([[0,0.780],[1,0.572],[2,0.376],[3,0.155],
[4,0.053],[5,0.077],[6,0.056],[7,0.049],[8,0.033],[9,0.023],[10,
0.040],[11,0.033],[12,0.027]],x,form=Lagrange):
> expand(c):
>
c1:=plot(c,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=red):
>
d:=PolynomialInterpolation([[0,1.093],[1,0.074],[2,0.074],[3,0.088],
[4,0.084],[5,0.084],[6,0.107],[7,0.114],[8,0.070],[9,0.044],[10,
0.076],[11,0.077],[12,0.201]],x,form=Lagrange):
> expand(d):
>
d1:=plot(d,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=blue):
>
e:=PolynomialInterpolation([[0,1.214],[1,0.265],[2,0.176],[3,0.103],
[4,0.061],[5,0.026],[6,0.019],[7,0.008],[8,0],[9,0.009],[10,0.007],
[11,0.031],[12,0.075]],x,form=Lagrange):
> expand(e):
>
e1:=plot(e,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=yellow):
>
f:=PolynomialInterpolation([[0,1.050],[1,0.103],[2,0.139],[3,0.115],
[4,0.104],[5,0.085],[6,0.068],[7,0.072],[8,0.069],[9,0.048],[10,
0.052],[11,0.097],[12,0.262]],x,form=Lagrange):
> expand(f):

```

```

>
f1:=plot(f,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=black):
>
g:=PolynomialInterpolation([[0,1.077],[1,0.422],[2,0.218],[3,0.137],
[4,0.089],[5,0.034],[6,0.018],[7,0.024],[8,0.020],[9,0.010],[10,
0.006],[11,0.026],[12,0.046]],x,form=Lagrange):
> expand(g):
>
g1:=plot(g,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=green):
>
h:=PolynomialInterpolation([[0,0.359],[1,0.044],[2,0.046],[3,0.022],
[4,0.006],[5,0.006],[6,0.003],[7,0.014],[8,0.025],[9,0.047],[10,
0.085],[11,0.180],[12,0.599]],x,form=Lagrange):
> expand(h):
>
h1:=plot(h,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=red):
>
i:=PolynomialInterpolation([[0,0.149],[1,0.083],[2,0.079],[3,0.084],
[4,0.013],[5,0.011],[6,0.007],[7,0.005],[8,0.008],[9,0.011],[10,
0.015],[11,0.018],[12,0.025]],x,form=Lagrange):
> expand(i):
>
i1:=plot(i,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=yellow):
>
j:=PolynomialInterpolation([[0,0.192],[1,0.025],[2,0.009],[3,0.017],
[4,0.010],[5,0.006],[6,0.012],[7,0.010],[8,0.007],[9,0.011],[10,
0.012],[11,0.016],[12,0.014]],x,form=Lagrange):
> expand(j):
>
j1:=plot(j,x=0..12,labels=[bulan,jiwa(x1000)],thickness=50,color=blue):
> display(a1,b1,c1,d1,e1):
> display(f1,g1,h1,i1,j1):

```

### C. Skrip Spline Plot

```

> restart;
> with(CurveFitting):
> with(plots):
>
xydata:=[[1,25],[2,9],[3,17],[4,10],[5,6],[6,12],[7,10],[8,7],[9,1
],[10,2],[11,4],[12,14],[13,63],[14,19],[15,94],[16,3],[17,1],[18,
2],[19,1],[20,2],[21,1],[22,3],[23,13],[24,15],[25,44],[26,46],[27
,22],[28,6],[29,6],[30,3],[31,14],[32,25],[33,47],[34,85],[35,180]
,[36,599],[37,422],[38,218],[39,137],[40,89],[41,34],[42,18],[43,2
4],[44,20],[45,10],[46,6],[47,26],[48,46],[49,103],[50,139],[51,11
5],[52,104],[53,85],[54,68],[55,72],[56,69],[57,48],[58,52],[59,97
],[60,262],[61,265],[62,176],[63,103],[64,61],[65,26],[66,19],[67,
8],[68,0],[69,9],[70,7],[71,31],[72,75],[73,74],[74,74],[75,88],[7
6,84],[77,84],[78,107],[79,114],[80,70],[81,44],[82,76],[83,77],[8
4,201],[85,572],[86,376],[87,155],[88,53],[89,77],[90,56],[91,49],
[92,33],[93,23],[94,40],[95,33],[96,27],[97,18],[98,11],[99,8],[10
0,8],[101,6],[102,3],[103,6],[104,4],[105,4],[106,1],[107,4],[108,
4],[109,33],[110,26],[111,18],[112,27],[113,21],[114,12],[115,101]
,[116,7],[117,6],[118,9],[119,21],[120,69]]:
> c1 := BSplineCurve(xydata, v):
> plot({c1,
xydata}, thickness=2, labels=[bulan, jiwa], font=[TIMES, ROMAN, 16]):

```

## D. Hasil Interpolasi

a. Tahun 2012

$$f(x) = -0,0000021x^{12} + 0,00012x^{11} - 0,0032x^{10} + 0,05x^9 - 0,36x^8 + 1,24x^7 + 3,49x^6 - 55,4x^5 + 249,17x^4 - 565,46x^3 + 651,2x^2 - 327,93x + 77$$

b. Tahun 2011

$$f(x) = -0,0000029x^{12} + 0,0036x^{11} - 0,12x^{10} + 2,19x^9 - 26,34x^8 + 212,85x^7 + 1.170,55x^6 - 4.347,42x^5 + 10.587,52x^4 - 15.432,23x^3 + 13.168,47x^2 - 4.250,31x + 780$$

c. Tahun 2010

$$f(x) = -0,000049x^{12} + 0,00019x^{11} - 0,0049x^{10} + 0,069x^9 - 0,48x^8 + 0,38x^7 + 23,52x^6 - 221,58x^5 + 1.045,06x^4 - 2.096,31x^3 + 4.754,91x^2 - 4.171,56x + 1.494$$

d. Tahun 2009

$$f(x) = -0,0000029x^{12} + 0,00018x^{11} - 0,0046x^{10} + 0,06x^9 - 0,4x^8 + 0,17x^7 + 19,31x^6 - 167,98x^5 + 749,44x^4 - 2.010,11x^3 + 3.242,15x^2 - 2.851,63x + 1.093$$

e. Tahun 2008

$$f(x) = 0,000013x^{12} - 0,00095x^{11} + 0,032x^{10} - 0,62x^9 + 7,71x^8 - 65,27x^7 + 379,61x^6 - 1.513,63x^5 + 4.057,44x^4 - 7.019,18x^3 + 7.296,72x^2 - 4.091,8x + 1.214$$

f. Tahun 2007

$$f(x) = -0,0000046x^{12} + 0,00016x^{11} - 0,00016x^{10} + 0,02x^9 - 0,06x^8 + 7,72x^7 + 66,82x^6 - 375,86x^5 + 1.378,63x^4 - 3.212,39x^3 + 4.465,99x^2 - 3.263,01x + 1.050$$

g. Tahun 2006

$$f(x) = 0,0000059x^{12} - 0,00046x^{11} + 0,02x^{10} - 0,31x^9 + 3,98x^8 - 34,32x^7 + 200,69x^6 - 797,26x^5 + 2.094,35x^4 - 3.485,36x^3 + 3.481,46x^2 - 2.118,34x + 1.077$$

h. Tahun 2005

$$f(x) = -0,000012x^{12} + 0,00089x^{11} - 0,03x^{10} + 0,52x^9 - 6,31x^8 + 48,1x^7 + 255,35x^6 - 906,24x^5 + 2.066,24x^4 - 2.771x^3 + 1.739,75x^2 - 26,64x + 359$$

i. Tahun 2004

$$f(x) = -0,000024x^{12} + 0,00089x^{11} - 0,06x^{10} + 1,16x^9 - 14,47x^8 + 121,78x^7 + 701,43x^6 - 2.744,4x^5 + 7.076,27x^4 - 11.291,74x^3 + 9.833,27x^2 - 3.400,43x + 149$$

j. Tahun 2003

$$f(x) = 0,0000037x^{12} - 0,00027x^{11} + 0,009x^{10} - 0,16x^9 + 1,91x^8 - 15,03x^7 + 80,23x^6 - 288,11x^5 + 688,91x^4 - 1.038,23x^3 + 986,45x^2 - 576,97x + 192$$