

BILANGAN REPRODUKSI DASAR MODEL *WEST NILE VIRUS* MENGGUNAKAN MATRIKS *NEXT GENERATION*

. D. OKTAFIANI¹, A. KUSNANTO², DAN JAHARUDDIN²

Abstrak

West Nile Virus atau WNV adalah virus dari keluarga *Flaviviridae* yang dapat ditemukan di daerah beriklim tropis dan daerah beriklim sedang. Virus ini menyebar melalui gigitan nyamuk terinfeksi dan dapat menyebabkan radang otak dan menjadi penyakit yang serius dan fatal bagi manusia. Pada saat ini, belum terdapat vaksin yang dapat diberikan pada manusia sehingga masyarakat sebaiknya memiliki informasi untuk mengenali dan mencegah WNV. Dari hasil analisis terhadap model WNV diperoleh titik tetap bebas penyakit (E_0). Kestabilan titik tetap E_0 ditentukan oleh bilangan reproduksi dasar (R_0). Bilangan reproduksi dasar merupakan nilai eigen dominan dari matriks *next generation*. Titik tetap E_0 stabil jika $R_0 < 1$ dan tidak stabil jika $R_0 > 1$. Pada kondisi lingkungan yang buruk, populasi nyamuk meningkat sehingga kondisi bebas penyakit tidak dapat dipertahankan. Untuk mengurangi penularan WNV, maka laju kematian nyamuk ditingkatkan agar $R_0 < 1$ sehingga kondisi bebas penyakit dapat dicapai.

Kata kunci : *West Nile Virus*, bilangan reproduksi dasar, titik tetap

PENDAHULUAN

Latar Belakang

West Nile Virus atau WNV adalah virus dari keluarga *Flaviviridae* yang ditemukan di daerah tropis dan daerah beriklim sedang. Virus ini khususnya menginfeksi burung, manusia, kuda, dan beberapa mamalia lainnya. WNV dapat menyebabkan radang otak dan dapat menjadi penyakit yang serius dan fatal bagi penderita terinfeksi. Saat ini masih belum ada vaksin yang dapat diberikan pada manusia sehingga masyarakat sebaiknya memiliki informasi yang dapat membantu mereka mengenali dan mencegah WNV (News Medical, 2012).

Thomas dan Urena (2001) telah memformulasikan sebuah model persamaan diferensial untuk mengetahui akibat WNV pada kota New York dan menentukan jumlah nyamuk yang harus dibunuh untuk menghilangkan WNV. Wonham *et al.* (2004) juga telah mengembangkan model persamaan diferensial yang menjelaskan perpindahan WNV pada nyamuk dan burung pada satu musim. Pada tulisan tersebut, dengan menggunakan kestabilan lokal dan simulasi yang telah

¹ Mahasiswa Program Sarjana, Departemen Matematika, Fakultas Ilmu Pengetahuan Alam, Jalan Meranti Kampus IPB Dramaga Bogor, 16680.

²Departemen Matematika, Fakultas Ilmu Pengetahuan Alam, Jalan Meranti Kampus IPB Dramaga Bogor, 16680.

dilakukan ditunjukkan bahwa ketika pengawasan terhadap nyamuk diturunkan, maka WNV akan mulai menjadi wabah.

Bowman *et al.* (2005) telah mengembangkan model penularan penyakit WNV dari tulisan sebelumnya tetapi dengan beberapa perubahan. Perubahan ini dimaksudkan untuk memperoleh wawasan tentang dinamika perpindahan WNV pada populasi nyamuk, burung, dan manusia pada waktu dimulainya musim semi hingga musim gugur. Periode ini dipilih karena pada waktu ini burung akan melakukan migrasi sehingga terjadi peningkatan populasi burung. Karena WNV menyebar melalui nyamuk terinfeksi yang sebelumnya mengigit burung terinfeksi, maka peningkatan populasi burung mengakibatkan peluang nyamuk menjadi terinfeksi juga semakin meningkat.

Pada tulisan ini akan direkonstruksi pembentukan model WNV yang dimodelkan oleh Bowman *et al.* Pertama, ditentukan titik tetap bebas penyakit dari model. Kestabilan titik tetap ini akan mempengaruhi kestabilan sistem secara umum. Kestabilan lokal dari titik tetap ini ditentukan menggunakan bilangan reproduksi dasar. Nilai bilangan reproduksi dasar akan diperoleh dengan menggunakan matriks *next generation* seperti yang dilakukan dalam model Diekmann *et al.* (1990). Pada sistem persamaan diferensial dengan jumlah persamaan diferensial yang banyak maka pencarian nilai bilangan reproduksi dasar menggunakan matriks *next generation* akan lebih mudah karena matriks *next generation* dapat diperoleh dengan hanya mengevaluasi persamaan diferensial yang merupakan golongan terinfeksi.

TEORI PENDUKUNG

Misalkan ada populasi heterogen, x yang dapat dikelompokkan ke dalam n golongan homogen x_i , $i = 1, 2, \dots, n$, yang dinotasikan oleh $x = (x_1, \dots, x_n)^t$, $\forall x_i \geq 0$, $i = 1, 2, \dots, n$. Besaran x_i menyatakan jumlah individu pada masing-masing golongan homogen. Kemudian, golongan-golongan homogen tersebut disusun sehingga diperoleh m golongan terinfeksi, yaitu $\{x_i | i = 1, 2, \dots, m\}$. Didefinisikan X_s adalah himpunan semua kejadian bebas penyakit, yaitu:

$$X_s = \{x \geq 0 | x_i = 0, i = 1, \dots, m\}.$$

Model penularan penyakit (model epidemik) baik terinfeksi atau tidak terjadi dinyatakan sebagai berikut:

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, 2, \dots, n \quad (1)$$

Dengan $\mathcal{F}_i(x)$ menyatakan laju pertumbuhan infeksi baru pada golongan i dan $\mathcal{V}_i(x)$ menyatakan laju perpindahan individu pada golongan i , yang dirumuskan

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

Dengan $\mathcal{V}_i^-(x)$ menyatakan laju perpindahan individu keluar dari golongan i dan $\mathcal{V}_i^+(x)$ menyatakan laju perpindahan individu masuk ke golongan i . Karena fungsi $f(x_i)$ menunjukkan perpindahan langsung individu, maka fungsi $f(x_i)$ bernilai tak negatif dan memenuhi asumsi sebagai berikut:

- A1. Jika $x \geq 0$, maka $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-, \mathcal{V}_i^+$ tak negatif untuk $i = 1, 2, \dots, n$.
- A2. Jika $x_i = 0$, maka $\mathcal{V}_i^- = 0$. Khususnya, jika $x \in X_s$, maka $\mathcal{V}_i^- = 0$ untuk $i = 1, 2, \dots, m$.
- A3. $\mathcal{F}_i = 0$ jika $i > m$.
- A4. Jika $x \in X_s$, maka $\mathcal{F}_i(x) = 0$ dan $\mathcal{V}_i^+(x) = 0$ untuk $i = 1, 2, \dots, m$.
- A5. Jika $\mathcal{F}_i(x)$ adalah himpunan bernilai nol, maka semua nilai eigen dari $Df(x_0)$ bernilai real negatif untuk $i = 1, 2, \dots, n$, dengan x_0 adalah titik tetap bebas penyakit.

Lema

Misalkan x_0 adalah titik tetap bebas penyakit dari persamaan (1) dan $f_i(x)$ memenuhi A1 – A5, maka matriks Jacobi $DF(x_0)$ dan $DV(x_0)$ dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$DF(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, DV(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix}$$

dengan matriks F dan V berukuran $m \times m$ yang memenuhi

1. F matriks tak negatif,
2. V matriks tak singular,
3. semua nilai eigen dari J_4 memiliki nilai real positif.

(Van De Driessche & Watmough 2002)

Matriks Next Generation

Misalkan F dan V adalah matriks yang memenuhi Lema di atas, maka FV^{-1} adalah matriks *next generation* untuk model yang didefinisikan (1) dengan V^{-1} yang menyatakan rata-rata panjang waktu yang dibutuhkan individu dalam golongan j selama waktu hidupnya dan F menyatakan laju individu terinfeksi pada golongan j yang menimbulkan infeksi baru pada golongan i . Akibatnya, FV^{-1} menyatakan nilai harapan infeksi baru pada golongan i yang dihasilkan oleh individu terinfeksi yang mula-mula dimasukkan ke dalam golongan k .

(Diekmann *et al* 1990)

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar adalah rata-rata banyaknya individu yang rentan terinfeksi secara langsung oleh individu lain yang telah terinfeksi bila individu yang telah terinfeksi tersebut masuk ke dalam populasi yang seluruhnya masih rentan. Bilangan reproduksi dasar dilambangkan dengan R_0 , dengan

$$R_0 = \rho(FV^{-1}).$$

Teorema 1

Tinjau model penularan penyakit (1) dengan $f(x)$ memenuhi asumsi A1 – A5. Misalkan x_0 adalah titik tetap bebas penyakit dari model. Jika $R_0 < 1$, maka x_0 stabil lokal asimtotik dan jika $R_0 > 1$, maka x_0 tidak stabil.

(Van De Driessche & Watmough 2002)

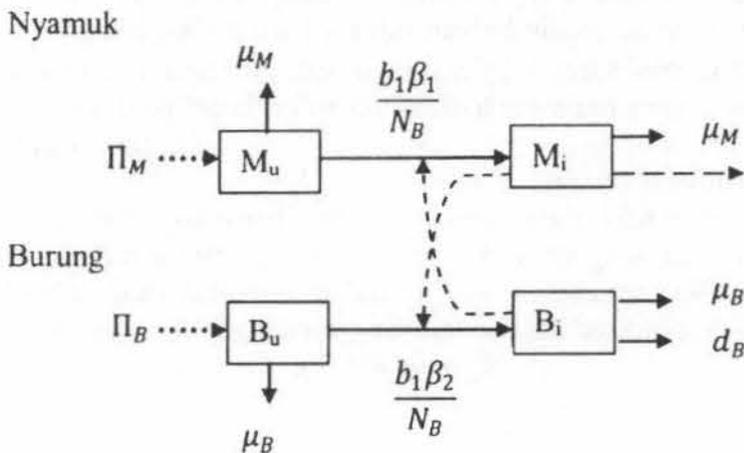
PERMODELAN DAN ANALISISNYA

Model yang akan dianalisis pada tulisan ini dibuat berdasarkan pengamatan dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia pada waktu dimulainya musim semi hingga berakhirnya musim gugur yang dikembangkan oleh Bowman *et al* (2005). Periode ini dipilih karena pada waktu ini burung akan melakukan migrasi sehingga terjadi peningkatan populasi burung. Karena WNV menyebar melalui nyamuk terinfeksi yang sebelumnya mengigit burung terinfeksi maka peningkatan populasi burung mengakibatkan peluang nyamuk menjadi terinfeksi juga semakin meningkat.

Dalam model pertama ini disusun SPD yang menjelaskan dinamika populasi nyamuk tak terinfeksi (M_u), nyamuk terinfeksi (M_i), burung tak terinfeksi (B_u), dan burung terinfeksi (B_i). Selanjutnya, untuk menyusun model ini digunakan beberapa asumsi sebagai berikut.

1. Karena nyamuk menggigit burung dan manusia, maka rata-rata jumlah gigitan nyamuk yang diterima oleh burung dan manusia didasarkan pada total ukuran populasi nyamuk, burung, dan manusia pada komunitas.
2. Nyamuk terinfeksi akan tetap terinfeksi namun tidak mati akibat terinfeksi WNV melainkan mati secara alami.
3. Penularan WNV secara vertikal pada nyamuk tidak ada.
4. Penularan WNV secara horizontal antara burung rentan terinfeksi WNV dan burung terinfeksi WNV tidak ada.

Diagram alir dari model untuk populasi nyamuk dan burung dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1 Diagram alir model populasi nyamuk dan burung

Berdasarkan diagram alir pada Gambar 1 diperoleh model persamaan sebagai berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dM_u}{dt} &= \Pi_M - \frac{b_1\beta_1 M_u B_i}{N_B} - \mu_M M_u \\
 \frac{dM_i}{dt} &= \frac{b_1\beta_1 M_u B_i}{N_B} - \mu_M M_i \\
 \frac{dB_u}{dt} &= \Pi_B - \frac{b_1\beta_2 M_i B_u}{N_B} - \mu_B B_u \\
 \frac{dB_i}{dt} &= \frac{b_1\beta_2 M_i B_u}{N_B} - \mu_B B_i - d_B B_i
 \end{aligned} \tag{2}$$

dengan

$M_u(t)$ banyaknya populasi nyamuk tak terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

$M_i(t)$ banyaknya populasi nyamuk terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

$B_u(t)$ banyaknya populasi burung tak terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

$B_i(t)$ banyaknya populasi burung terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

Π_M laju pertambahan nyamuk tak terinfeksi WNV (per hari).

Π_B laju pertambahan burung rentan terinfeksi WNV (per hari).

d_B laju kematian burung akibat terinfeksi WNV (per hari).

μ_M laju kematian nyamuk secara alamiah (per hari).

μ_B laju kematian burung secara alamiah (per hari).

β_1 peluang penularan WNV dari burung ke nyamuk.

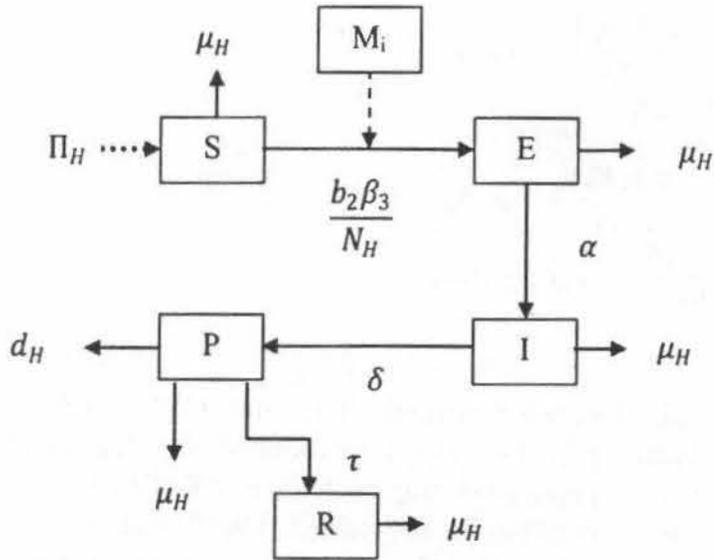
β_2 peluang penularan WNV dari nyamuk ke burung.

b_1 laju gigitan nyamuk pada burung (per hari).

Untuk mengetahui dinamika populasi manusia terhadap infeksi WNV dibutuhkan model kedua. Model kedua ini merupakan SPD yang menjelaskan dinamika populasi manusia yang dibagi menjadi lima subpopulasi. Untuk menyusun model ini digunakan beberapa asumsi sebagai berikut.

1. Laju infeksi baru terhadap manusia didasarkan pada rata-rata jumlah gigitan nyamuk per satuan waktu dan peluang penularan WNV terhadap total populasi manusia.
2. Semua manusia yang baru terinfeksi WNV akan mengalami masa inkubasi selama 2-14 hari.
3. Manusia yang telah terinfeksi WNV akan memiliki imunitas jangka panjang sehingga tidak akan terinfeksi WNV lagi.

Diagram alir dari model untuk populasi manusia dapat dilihat pada Gambar 2.



Gambar 2 Diagram alir model populasi manusia

Berdasarkan diagram alir pada Gambar 2 diperoleh model persamaan berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \Pi_H - \frac{b_2\beta_3 M_i S}{N_H} - \mu_H S \\
 \frac{dE}{dt} &= \frac{b_2\beta_3 M_i S}{N_H} - \mu_H E - \alpha E \\
 \frac{dI}{dt} &= \alpha E - \mu_H I - \delta I \\
 \frac{dP}{dt} &= \delta I - \mu_H P - d_H P - \tau P \\
 \frac{dR}{dt} &= \tau P - \mu_H R
 \end{aligned} \tag{3}$$

dengan

$S(t)$ banyaknya populasi manusia rentan terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

$E(t)$ banyaknya populasi manusia terinfeksi WNV pada masa inkubasi pada waktu t (populasi).

$I(t)$ banyaknya populasi manusia terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

$P(t)$ banyaknya populasi manusia yang berada dalam masa perawatan akibat terinfeksi WNV pada waktu t (populasi).

- $R(t)$ banyaknya populasi manusia yang telah memiliki imunitas terhadap WNV pada waktu t (populasi).
- Π_H laju pertambahan manusia rentan terinfeksi WNV (per hari).
- μ_H laju kematian manusia secara alamiah (per hari).
- d_H laju kematian manusia akibat terinfeksi WNV (per hari).
- α laju perpindahan manusia dari masa inkubasi menjadi terinfeksi (per hari).
- δ laju perpindahan manusia dari golongan terinfeksi masuk ke dalam masa perawatan (per hari).
- τ laju perpindahan manusia dari masa perawatan ke golongan manusia yang telah memiliki imunitas terhadap WNV (per hari).
- β_3 peluang penularan WNV dari nyamuk ke manusia.
- b_2 laju gigitan nyamuk pada manusia (per hari).

Dari model (2) dan (3) diperoleh persamaan untuk laju perubahan total populasi nyamuk, burung dan manusia sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dN_M}{dt} &= \Pi_M - \mu_M N_M \\ \frac{dN_B}{dt} &= \Pi_B - \mu_B N_B - d_B B_i \\ \frac{dN_H}{dt} &= \Pi_H - \mu_H N_H - d_H P \end{aligned}$$

dengan

- $N_M(t) = M_u(t) + M_i(t)$, yaitu total populasi nyamuk,
- $N_B(t) = B_u(t) + B_i(t)$, yaitu total populasi burung, dan
- $N_H(t) = S(t) + E(t) + I(t) + P(t) + R(t)$, yaitu total populasi manusia.

Semua parameter pada model diasumsikan bernilai tak negatif untuk laju kematian (μ), laju pertambahan (Π), dan koefisien penularan WNV (β) serta bernilai positif untuk laju gigitan nyamuk (b). Dalam tulisan ini, diasumsikan bahwa pada kondisi awal belum terjadi infeksi WNV dan total masing-masing populasi dari ($N_M(t), N_B(t), N_H(t)$) diasumsikan bernilai positif ketika $t = 0$ sehingga diperoleh daerah solusi:

$$D = \left\{ (M_u, M_i, B_u, B_i, S, E, I, P, R) \in (R^+)^9 \mid N_M \leq \frac{\Pi_M}{\mu_M}, N_B \leq \frac{\Pi_B}{\mu_B}, N_H \leq \frac{\Pi_H}{\mu_H} \right\}.$$

Titik tetap bebas penyakit merupakan kondisi dimana semua individu tak terinfeksi WNV. Titik tetap ini diperoleh dengan memilih nilai $M_i = 0$. Kemudian, nilai $M_i = 0$ disubstitusi ke persamaan yang lain sehingga dihasilkan titik tetap bebas penyakit, yaitu:

$$E_0 = \left(\frac{\Pi_M}{\mu_M}, 0, \frac{\Pi_B}{\mu_B}, 0, \frac{\Pi_H}{\mu_H}, 0, 0, 0, 0 \right). \tag{4}$$

Pada titik tetap ini, banyaknya populasi nyamuk tak terinfeksi, burung tak terinfeksi, dan manusia rentan sebesar laju pertumbuhan dibagi dengan laju kematian alaminya, sedangkan banyaknya populasi nyamuk terinfeksi, burung terinfeksi, dan manusia terinfeksi adalah nol.

Kestabilan lokal sistem di titik tetap E_0 ditentukan dengan menggunakan matriks *next generation* untuk sistem (2) dan (3). Misalkan $\mathcal{F}_i(x)$ adalah laju pertumbuhan infeksi baru pada golongan ke- i , maka $\mathcal{F}_i(x)$ dari model (2) dan (3) adalah sebagai berikut.

$$\mathcal{F}_i(x) = \left(0 \quad \frac{b_1\beta_1 M_u B_i}{N_B} \quad 0 \quad \frac{b_1\beta_2 M_i B_u}{N_B} \quad 0 \quad \frac{b_2\beta_3 M_i S}{N_H} \quad 0 \quad 0 \quad 0 \right)^t.$$

Selanjutnya, dari sembilan golongan yang terdapat pada model (2) dan (3) terdapat lima golongan terinfeksi, yaitu M_i, B_i, E, I , dan P . Karena $E_0 \in X_5$ adalah titik tetap bebas penyakit, maka dengan menggunakan Lema diperoleh

$$D\mathcal{F}(E_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

dengan F matriks tak negatif berukuran 5×5 yang didefinisikan sebagai berikut:

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_{M_i}}{\partial x_{M_i}}(E_0) & \cdots & \frac{\partial \mathcal{F}_{M_i}}{\partial x_P}(E_0) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial \mathcal{F}_P}{\partial x_{M_i}}(E_0) & \cdots & \frac{\partial \mathcal{F}_P}{\partial x_P}(E_0) \end{pmatrix}.$$

Akibatnya, didapatkan

$$F = \begin{pmatrix} F_1 & 0 \\ F_2 & 0 \end{pmatrix}$$

$$\text{dengan } F_1 = \begin{pmatrix} 0 & \frac{b_1\beta_1 N_M}{N_B} \\ b_1\beta_2 & 0 \end{pmatrix} \text{ dan } F_2 = \begin{pmatrix} b_2\beta_3 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Misalkan $\mathcal{V}_i(x)$ adalah laju perpindahan individu pada golongan i , maka $\mathcal{V}_i(x)$ dari model (2) dan (3) adalah sebagai berikut :

$$\mathcal{V}_i(x) = \begin{pmatrix} \mu_M M_u + \frac{b_1 \beta_1 M_u B_i}{N_B} - \Pi_M \\ \mu_M M_i \\ \mu_B B_u + \frac{b_1 \beta_2 M_i B_u}{N_B} - \Pi_B \\ \mu_B B_i + d_B B_i \\ \mu_H S + \frac{b_2 \beta_3 M_i S}{N_H} - \Pi_H \\ \mu_H E + \alpha E \\ \mu_H I + \delta I - \alpha E \\ \mu_H P + d_H P + \tau P - \delta I \\ \mu_H R - \tau P \end{pmatrix}.$$

Selanjutnya, dari sembilan golongan yang terdapat pada model (2) dan (3) terdapat lima golongan terinfeksi, yaitu $M_i, B_i, E, I,$ dan P . Karena $E_0 \in X_s$ adalah titik tetap bebas penyakit, maka dengan menggunakan Lema diperoleh

$$DV(E_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix}$$

dengan V matriks tak singular berukuran 5×5 yang dinyatakan sebagai berikut:

$$V = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_{M_i}}{\partial x_{M_i}}(E_0) & \dots & \frac{\partial \mathcal{V}_{M_i}}{\partial x_P}(E_0) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial \mathcal{V}_H}{\partial x_{M_i}}(E_0) & \dots & \frac{\partial \mathcal{V}_H}{\partial x_P}(E_0) \end{pmatrix}.$$

Akibatnya, diperoleh

$$V = \begin{pmatrix} V_1 & 0 \\ 0 & V_2 \end{pmatrix}$$

dengan $V_1 = \begin{pmatrix} \mu_M & 0 \\ 0 & \mu_B + d_B \end{pmatrix}$ dan $V_2 = \begin{pmatrix} \mu_H + \alpha & 0 & 0 \\ -\alpha & \mu_H + \delta & 0 \\ 0 & -\delta & \mu_H + d_H + \tau \end{pmatrix}.$

Dengan menggunakan matriks F dan V di atas diperoleh matriks *next generation* sebagai berikut:

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} F_1 V_1^{-1} & 0 \\ F_2 V_1^{-1} & 0 \end{pmatrix}$$

dengan

$$F_1 V_1^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & \frac{b_1 \beta_1 N_M}{N_B (\mu_B + d_B)} \\ \frac{b_1 \beta_2}{\mu_M} & 0 \end{pmatrix}$$

dan

$$F_2 V_1^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{b_2 \beta_3}{\mu_M} & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Karena F matriks tak negatif dengan ordo 2 dan V matriks tak singular, maka $\rho(FV^{-1}) = \rho(F_1 V_1^{-1})$. Jadi, nilai eigen dari matriks *next generation* diperoleh dengan menyelesaikan $\det(F_1 V_1^{-1} - \lambda I) = 0$, atau

$$\begin{pmatrix} -\lambda & \frac{b_1 \beta_1 N_M}{N_B (\mu_B + d_B)} \\ \frac{b_1 \beta_2}{\mu_M} & -\lambda \end{pmatrix} = 0$$

sehingga diperoleh

$$\lambda_{1,2} = \pm \sqrt{\frac{b_1^2 \beta_1 \beta_2 N_M}{\mu_M N_B (\mu_B + d_B)}}.$$

Karena $N_M = \frac{\pi_M}{\mu_M}$ dan $N_B = \frac{\pi_B}{\mu_B}$, maka diperoleh

$$\lambda_{1,2} = \pm \sqrt{\frac{b_1^2 \beta_1 \beta_2 \pi_M \mu_B}{\mu_M^2 \pi_B (\mu_B + d_B)}}.$$

Karena $R_0 = \rho(FV^{-1})$ dan $\rho(FV^{-1}) = \rho(F_1 V_1^{-1})$, maka diperoleh

$$R_0 = \sqrt{\frac{b_1^2 \beta_1 \beta_2 \pi_M \mu_B}{\mu_M^2 \pi_B (\mu_B + d_B)}},$$

yang merupakan bilangan reproduksi dasar pada model penularan penyakit WNV.

Teorema 2 Untuk model penularan penyakit (2) dan (3), titik tetap E_0 yang diberikan pada (4) stabil lokal asimtotik jika $R_0 < 1$, dan tak stabil jika $R_0 > 1$.

Bukti: Misalkan E_0 titik tetap yang diberikan pada (4). Akan ditunjukkan E_0 stabil lokal asimtotik jika $R_0 < 1$. Dalam hal ini akan ditunjukkan seluruh nilai eigen dari $Df(E_0)$ bernilai real negatif. Berdasarkan Lema, nilai eigen dari $Df(E_0)$ hanya bergantung pada $F - V$ dan $-J_4$. Pada Lema ini juga diperoleh bahwa nilai eigen dari matriks $-J_4$ bernilai real negatif sehingga kestabilan titik tetap E_0 ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks $F - V$. Matriks Jacobi dari matriks $F - V$ pada titik tetap E_0 adalah sebagai berikut.

$$J_{(E_0)} = \begin{pmatrix} F_1 - V_1 & 0 \\ F_2 & -V_2 \end{pmatrix}.$$

Berikut ini akan ditunjukkan nilai eigen dari $F_1 - V_1$ bernilai real negatif dengan menyelesaikan persamaan karakteristiknya, yaitu $\det((F_1 - V_1) - \lambda I) = 0$, atau

$$\begin{vmatrix} -\mu_M - \lambda & \frac{b_1\beta_1 N_M}{N_B} \\ b_1\beta_2 & -(\mu_B + d_B) - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

yang menghasilkan persamaan berikut

$$\lambda^2 + \lambda(\mu_M + \mu_B + d_B) + \left(\mu_M(\mu_B + d_B) - \frac{b_1^2\beta_1\beta_2 N_M}{N_B} \right) = 0$$

dengan akar - akar berbentuk

$$\lambda_{1,2} = \frac{-a_1 \pm \sqrt{a_1^2 - 4a_2}}{2}$$

dengan $a_1 = \mu_M + \mu_B + d_B$ dan $a_2 = \mu_M(\mu_B + d_B) - \frac{b_1^2\beta_1\beta_2 N_M}{N_B}$.

Karena $a_1 > 0$, maka $\lambda_{1,2} < 0$ terjadi jika $a_2 > 0$ atau

$$\mu_M(\mu_B + d_B) > \frac{b_1^2\beta_1\beta_2 N_M}{N_B}$$

atau $R_0 < 1$. Dengan demikian, nilai eigen $F_1 - V_1$ real negatif, jika $R_0 < 1$.

Selanjutnya, akan ditunjukkan nilai eigen $-V_2$ real negatif dengan menyelesaikan persamaan karakteristiknya, yaitu $\det(-V_2 - \lambda I) = 0$. Persamaan tersebut memberikan nilai-nilai eigen, yaitu $-(\mu_H + \alpha)$, $-(\mu_H + \delta)$, $-(\mu_H + d_H + \tau)$. Karena semua parameter bernilai tak negatif, maka nilai eigen dari matriks $-V_2$ bernilai real negatif. Karena semua nilai eigen dari matriks $F - V$ pada titik tetap E_0 bernilai real negatif, maka E_0 stabil lokal asimtotik.

SIMULASI

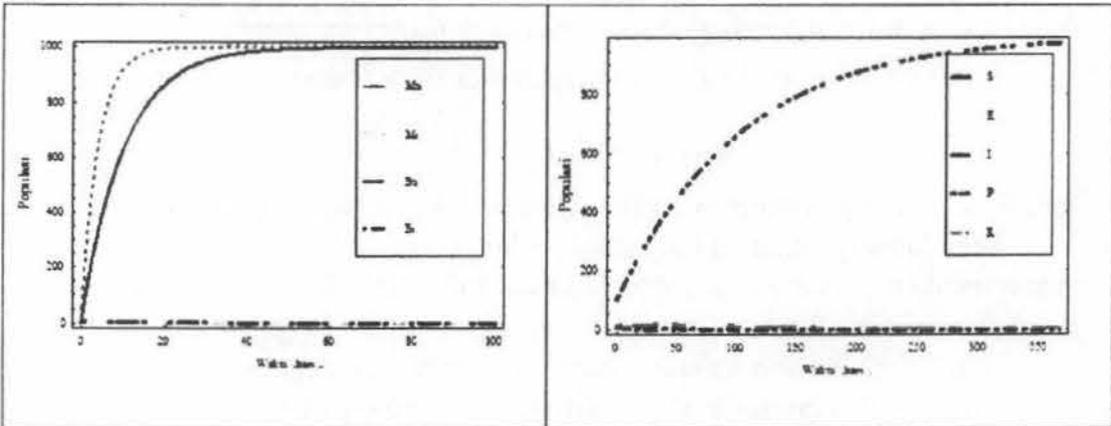
Dalam simulasi ini akan dilihat pengaruh laju pertambahan (Π) dan laju kematian (μ). Beberapa nilai parameter diambil dari penelitian Wonham *et al.* (2004) seperti dalam Tabel 1.

TABEL 1
Nilai Parameter

Parameter	Nilai	Keterangan
Π_M	250	Laju pertambahan nyamuk tak terinfeksi per hari
Π_B	100	Laju pertambahan burung tak terinfeksi per hari
Π_H	10	Laju pertambahan manusia rentan terinfeksi per hari
μ_M	0.25	$1/\mu_M$ menunjukkan rata-rata panjang hidup nyamuk (hari)
μ_B	0.1	$1/\mu_B$ menunjukkan rata-rata panjang hidup burung (hari)
μ_H	0.05	$1/\mu_H$ menunjukkan rata-rata panjang hidup manusia (hari)
b_1	0.09	Laju gigitan nyamuk pada burung per hari
b_2	0.09	Laju gigitan nyamuk pada manusia per hari
β_1	0.16	Peluang penularan WNV dari burung ke nyamuk
β_2	0.88	Peluang penularan WNV dari nyamuk ke burung
β_3	0.88	Peluang penularan WNV dari nyamuk ke manusia
d_B	0.00005	Laju kematian burung akibat terinfeksi WNV

d_H	0.0000005	Laju kematian manusia akibat terinfeksi WNV
α	1/(14)	1/ α menunjukkan masa inkubasi WNV pada manusia
δ	1	Laju perawatan untuk manusia
τ	1/(14)	1/ τ menunjukkan laju penyembuhan untuk manusia

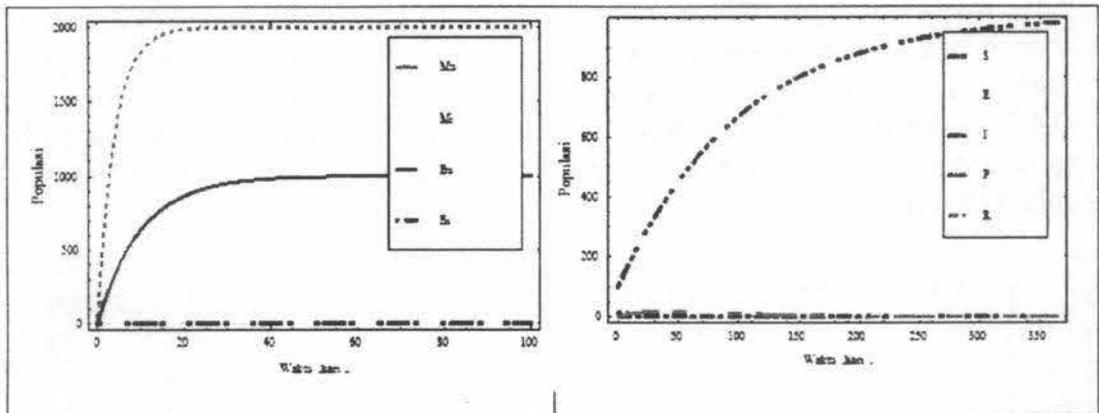
Dengan menggunakan nilai-nilai parameter pada Tabel 1 diperoleh $R_0 = 0.2135331398$. Pada kondisi ini golongan tak terinfeksi akan meningkat hingga pada waktu tertentu nilainya akan menuju ke nilai kestabilannya, sedangkan golongan terinfeksi akan menurun dan menuju kepunahan. Hasil-hasil ini ditunjukkan pada Gambar 3.



Gambar 3 Dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia pada kondisi bebas penyakit

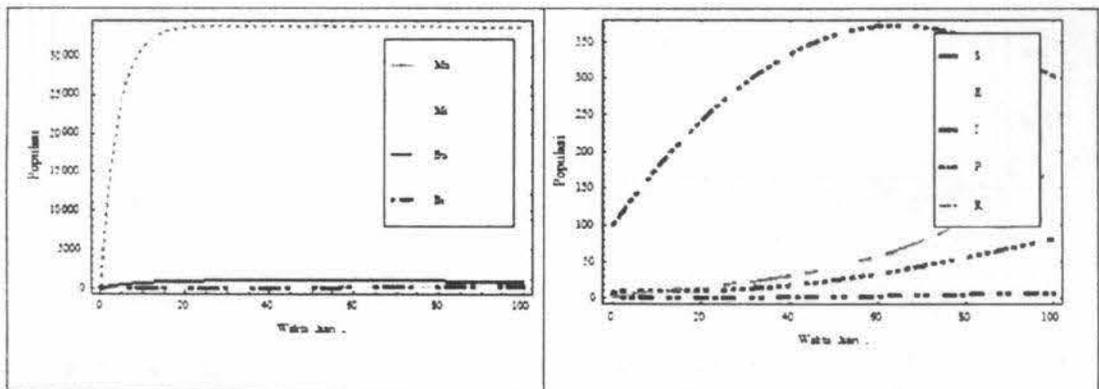
Dinamika Populasi Akibat Pengaruh Π_M

Salah satu aspek yang dapat mengubah nilai Π_M adalah kondisi lingkungan. Kondisi lingkungan yang baik akan menyebabkan nilai Π_M dapat dibuat sekecil mungkin. Sebaliknya, kondisi lingkungan yang buruk akan meningkatkan nilai Π_M . Pada Gambar 4 diperlihatkan bahwa peningkatan populasi nyamuk belum menyebabkan infeksi WNV mewabah. Dengan menggunakan nilai $\Pi_M = 500$ dan nilai parameter lainnya tidak berubah diperoleh $R_0 = 0.3019814624$.



Gambar 4 Dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia dengan $\Pi_M = 500$

Kemudian, pada Gambar 5 diperlihatkan bahwa kondisi lingkungan yang sangat buruk telah menyebabkan nilai Π_M meningkat sebanyak 34 kali nilai sebelumnya, yaitu $\Pi_M = 8500$ sehingga menyebabkan kondisi bebas penyakit tidak dapat dipertahankan. Dengan menggunakan nilai $\Pi_M = 8500$ dan nilai parameter lainnya tidak berubah diperoleh $R_0 = 1.245101466$. Kondisi bebas penyakit dapat dipertahankan jika nilai $\Pi_M < 5483$. Sebaliknya, jika $\Pi_M > 5483$, maka populasi pada golongan terinfeksi akan meningkat sehingga kondisi bebas penyakit tidak dapat dipertahankan.

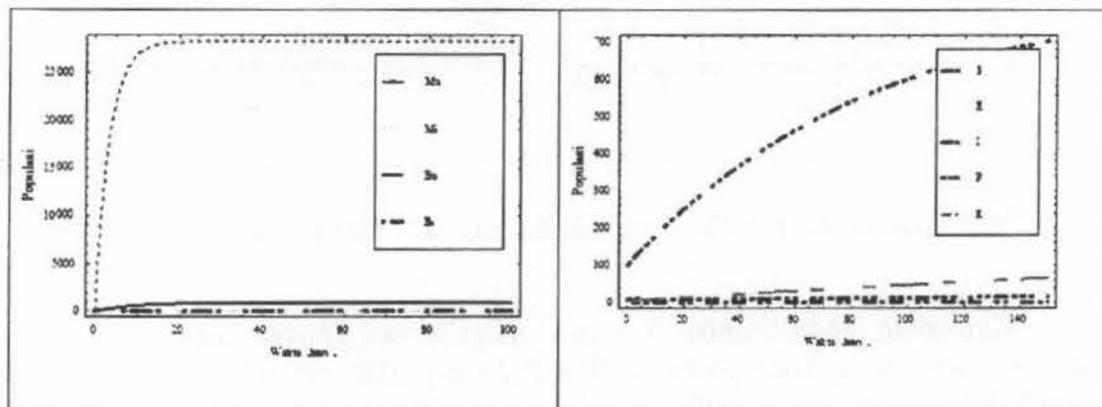


Gambar 5 Dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia dengan $\Pi_M = 8500$

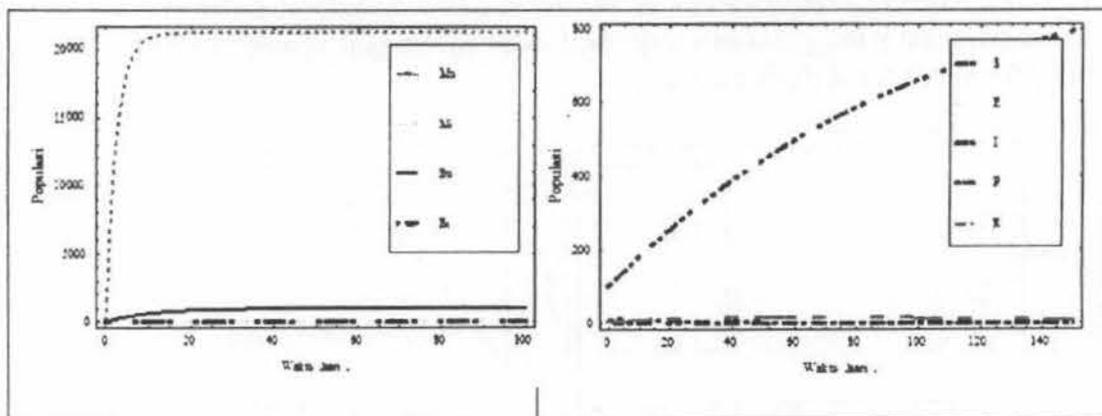
Dinamika Populasi Akibat Pengaruh μ_M

Peningkatan infeksi WNV pada burung dan manusia dapat dihentikan dan diturunkan salah satunya dengan cara mengurangi populasi nyamuk, baik nyamuk tak terinfeksi maupun nyamuk terinfeksi. Pengurangan populasi nyamuk dapat dilakukan dengan melakukan penyemprotan sehingga laju kematian nyamuk (μ_M) meningkat. Berikut ini adalah salah satu dinamika populasi dengan meningkatkan nilai $\mu_M = 0.3$ dengan asumsi $\Pi_M = 8500$. Dengan menggunakan

nilai $\mu_M = 0.3$ dapat dilihat pada Gambar 6 bahwa infeksi WNV belum menghilang dari populasi nyamuk, burung, dan manusia. Kondisi ini terjadi karena $R_0 = 1.037584555$. Kemudian, dengan meningkatkan nilai $\mu_M = 0.4$ diperoleh $R_0 = 0.7781884164$. Pada Gambar 7 diperlihatkan bahwa pada golongan terinfeksi telah menuju kepunahan dan golongan tak terinfeksi menuju nilai kestabilannya.



Gambar 6 Dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia dengan $\mu_M = 0.3$



Gambar 7 Dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia dengan $\mu_M = 0.4$

SIMPULAN

Dari hasil analisis terhadap model *west nilevirus* (WNV) diperoleh titik tetap bebas penyakit (E_0). Kestabilan lokal titik tetap E_0 ditentukan menggunakan bilangan reproduksi dasar (R_0). Bilangan reproduksi dasar merupakan nilai eigen

dominan dari matriks *next generation*. Matriks *next generation* diperoleh dengan mengevaluasi golongan terinfeksi dari model.

Simulasi dalam karya ilmiah ini dipilih untuk menunjukkan dinamika dari solusi model dengan memilih parameter-parameter pada model. Tujuan simulasi ini adalah untuk mengetahui apakah infeksi pada populasi nyamuk, burung, dan manusia yang disebabkan virus *west nile* menghilang atau tidak. Dari hasil simulasi diperoleh bahwa titik tetap E_0 dipengaruhi oleh parameter laju pertambahan (Π) dan laju kematian alamiah (μ). Pada simulasi, dilakukan peningkatan laju pertambahan nyamuk (Π_M) secara bertahap untuk memperhatikan pengaruh perubahan laju pertambahan nyamuk (Π_M) terhadap dinamika populasi nyamuk, burung, dan manusia. Salah satu penyebab peningkatan laju pertambahan nyamuk (Π_M) adalah kondisi lingkungan yang buruk. Pertama, dilakukan peningkatan laju pertambahan nyamuk (Π_M) sebesar 500 per hari. Dengan peningkatan nilai ini, kondisi bebas penyakit masih dapat dipertahankan. Namun, setelah peningkatan laju pertambahan nyamuk (Π_M) sebesar 8500 per hari terjadi peningkatan populasi golongan terinfeksi. Kondisi bebas penyakit dapat dipertahankan jika nilai $\Pi_M < 5483$ per hari. Selanjutnya, jika kondisi bebas penyakit tidak dapat dipertahankan, maka WNV dapat diatasi salah satunya dengan meningkatkan laju kematian nyamuk secara alamiah (μ_M). Contoh kegiatan yang dapat meningkatkan laju kematian nyamuk secara alamiah (μ_M) adalah penyemprotan. Pada simulasi ini dilakukan peningkatan laju kematian nyamuk secara alamiah (μ_M) sebesar 0.3 per hari. Namun, dengan menggunakan nilai tersebut, infeksi WNV belum menghilang. Pada simulasi selanjutnya, laju kematian nyamuk secara alamiah (μ_M) ditingkatkan sebesar 0.4 per hari dan diperoleh bahwa pada kondisi ini kondisi infeksi WNV telah menghilang.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Bowman C, Gumel AB, Van de Driessche P, Wu J, Zhu H. 2005. A mathematical model for assessing control strategies against west nile virus. *Bulletin of Mathematical Biology* 67:1107-1133.
- [2] Diekmann O, Heesterbeek JAP, Metz JAJ. 1990. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *J. Math. Biol* 28: 365-382
- [3] News Medical. 2012. *West Nile Virus* [Internet]. [diunduh 2012 Nov 17]. Tersedia pada [http://www.news-medical.net/health/West-Nile-Virus-\(Indonesian\).aspx](http://www.news-medical.net/health/West-Nile-Virus-(Indonesian).aspx).
- [4] Thomas DM, Urena B. 2001. A model describing the evolution of west nile-like encephalitis in new york city. *Math.Comput.Modelling* 34: 771-781.
- [5] Van de Driessche P, Watmough J. 2002. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Math. Biosci* 180: 29-48.
- [6] Wonham MJ, de-Camio-Beck T, Lewis M. 2004. An epidemiological model for west nile virus: invasion analysis and control application. *Proc. R. Soc. Lond. B* 271 (1538):501-507.