

BAB 2

BEBERAPA MODEL EPIDEMI

2.1 Model Pertumbuhan Populasi

Laju pertumbuhan populasi akan dapat diketahui apabila kelahiran, kematian dan laju migrasi diketahui. Pada populasi tertutup, pertumbuhan populasi hanya bergantung pada kelahiran dan kematian sedangkan pada populasi terbuka diperhitungkan juga laju migrasi dari populasi.

2.1.1 Model pertumbuhan populasi eksponensial

Pertambahan populasi di suatu daerah tertentu bergantung pada kelahiran, kematian serta adanya keluar dan masuknya (migrasi) individu ke populasi tersebut.

Lemma 1

Bila di asumsikan total penduduk pada suatu populasi tertentu adalah N , maka pertumbuhan penduduk adalah:

$$\frac{dN}{dt} = \text{banyak kelahiran} - \text{banyak kematian} + \text{migrasi}$$

Selanjutnya bila kelahiran dan kematian dipandang sebagai proporsi dari N yaitu kelahiran bN dan kematian dN dan mengabaikan adanya migrasi (populasi tertutup/*isolated population*), maka pertumbuhan penduduk menjadi:

$$\frac{dN}{dt} = bN - dN \tag{2.1}$$

dimana $b, d > 0$. $bd > 0$ dan bila $bd < 0$ maka populasi penduduk tersebut akan punah.

Lemma 2

Bila pertumbuhan penduduk terhadap satuan waktu t adalah $\frac{dN}{dt} = bN - dN$ maka total penduduk pada waktu t adalah :

$$N(t) = N_0 e^{(b-d)t}, \quad (2.2)$$

dimana N_0 adalah total penduduk awal.

Bukti:

$$\frac{dN}{dt} = bN - dN \rightarrow \int \frac{1}{N} dN = \int (b - d) dt$$

$N(t) = N_0 e^{(b-d)t}$, dimana $N_0 = N(0)$

Model ini dikenal sebagai model pertumbuhan eksponensial, yang pertama kali diajukan oleh Maltus pada tahun 1798.

Dapat dimengerti bahwa bila $b > d$ maka pertumbuhan penduduk akan mengikuti model eksponensial. Pada kenyataannya model pertumbuhan penduduk eksponensial ini tidaklah realistis terutama untuk memprediksi pada jangka waktu yang panjang.

$N(t) = N_0 e^{(b-d)t}$, dimana $N_0 = N(0)$

Model ini pertama kali diperkenalkan pada tahun 1838 oleh Verhurst yang merupakan pengembangan dari model eksponensial Maltus, selanjutnya dikembangkan lebih lanjut oleh R. Pearl dan L.J. Reed pada tahun 1920.

Model logistik adalah :

$$\frac{dN}{dt} = rN \left(1 - \frac{N}{K}\right) \quad (2.3)$$

$K > 0$, yang merupakan daya dukung lingkungan atau secara umum berarti kapasitas media untuk mendukung populasi dan $r = bd > 0$, selanjutnya persamaan diferensial diatas diselesaikan dengan memisahkan variabel:

$$\begin{aligned} \int \frac{dN}{N(K-N)} &= \frac{r}{K} \int dt \\ \frac{r}{K}t + c &= \frac{1}{K} \int \left(\frac{1}{N} + \frac{1}{K-N} \right) dN \\ &= \frac{1}{K} (Ln(N) - Ln(K-N)) \end{aligned}$$

Jika total populasi pada saat $t = 0$ adalah N_0 maka

$$\begin{aligned} c &= \frac{1}{K} (Ln(N_0) - Ln(K - N_0)) \\ \frac{r}{K}t \frac{1}{K} (Ln(N_0) - Ln(K - N_0)) &= (Ln(N) - Ln(K - N)) \\ rt &= Ln \frac{N(K - N_0)}{N_0(K - N)} \end{aligned}$$

atau

$$e^{rt} = \frac{N(K - N_0)}{N_0(K - N)}$$

Akhirnya diperoleh:

$$N(t) = \frac{KN_0e^{rt}}{K - N_0 + N_0e^{rt}} \quad (2.4)$$

Sebelum membahas tentang model epidemi deterministik, ada beberapa asumsi yang harus dipenuhi, antara lain:

Asumsi 1.

Populasi dikondisikan pada kasus tertutup, artinya bahwa pemodelan diberlakukan pada interval waktu yang sempit sehingga total populasi konstan dengan mengabaikan kelahiran dan kematian.

Asumsi 2.

Setiap individu pada populasi dapat dimasukkan kedalam salah satu sub populasi yang saling terpisah (mutually exclusive), yang berarti bahwa pada setiap waktu: $S(t)+I(t) = N$ dengan kondisi awal $S(0) = S_0$ dan $I(0) = I_0$ sehingga $S_0+I_0 = N$ atau $S(0) + I(0) = N$

Asumsi 3.

Semua anggota populasi bercampur secara homogen, artinya bahwa semua anggota populasi memiliki kesempatan (chance) yang sama untuk terkena infeksi.

Hukum Aksi Massa (Law of Mass Action) yang pertama kali dikembangkan oleh Guldberg dan Waage pada 1864.

Bila suatu sistem homogen, maka laju reaksi kimia (the rate of chemical reaction) adalah proporsi dari masa aktif dari zat yang bereaksi (to the active masses of the reacting substances).

Selanjutnya pada tahun 1906 Law of Mass Action ini dikembangkan oleh Hamer yang menerapkannya pada dinamika populasi (*population dynamics*).

Hamer.

Jika individu dalam suatu populasi yang tercampur secara homogen, maka laju interaksi antara dua himpunan bagian yang berbeda dari populasi adalah sebanding (proporsional) dengan hasil kali dari jumlah (numbers) anggota setiap subset bersangkutan.

2.2 Model Epidemi Deterministik (Populasi Tertutup)

Kajian tentang keterjadian (mewabahnya) penyakit disebut epidemiologi. Suatu epidemik merupakan mewabahnya suatu penyakit dalam waktu singkat. Suatu penyakit disebut endemi jika penyakit bertahan dalam suatu populasi. Jadi model epidemik dipakai untuk mendeskripsikan wabah cepat yang terjadi dalam waktu cukup singkat, sedangkan model endemi dipakai untuk mempelajari penyakit pada periode waktu lebih panjang, selama terdapat penambahan yang rentan karena adanya kelainan atau penyembuhan dari imunitas, sementara penyebaran penyakit menular melibatkan tidak hanya faktor terkait penyakit, misalnya agen penular, moda transmisi, periode laten, periode penularan, kerentanan dan daya tahan, tapi juga faktor sosial, budaya, demografi, ekonomi dan geografi. Tiga model dasar yang diberikan berikut ini merupakan prototipe sederhana dari tiga tipe, berbeda model epidemiologi. Model umum yang dibicarakan berikut mengikut sertakan lebih banyak faktor dari yang disebutkan diatas.

Model epidemi deterministik dengan populasi tertutup merupakan pemodelan matematika dalam epidemi yang tidak memperhitungkan adanya migrasi populasi dalam model.

2.2.1 Model epidemi SI

Model matematika dalam epidemiologi yang paling sederhana dikenal dengan *RossEpidemic Model* atau SI yang dikembangkan pada tahun 1911. Pada model SI, populasi dibagi menjadi dua bagian (subkelompok) yaitu populasi yang rentan (*susceptible*= S) terhadap penularan penyakit dan populasi yang terinfeksi (*infectious* = I) terhadap suatu penyakit.

Asumsi yang digunakan dalam model ini adalah: bahwa populasi yang rentan tetap kontak berdekatan dengan populasi yang terinfeksi sepanjang waktu $t \geq 0$, jumlah populasi konstan sebesar N dengan $N = (S(t) + I(t))$ dimana S dan I saling eksklusif dan pencampuran populasi secara homogen sehingga setiap individu memiliki peluang yang sama terjadinya infeksi.

Jika $\beta \geq 0$ merupakan konstanta rata-rata (proporsi) kontak subkelompok yang menghasilkan infeksi baru persatuan waktu dari keadaan semula yaitu rentan (atau disebut juga konstanta laju transmisi).

Selanjutnya dengan menggunakan menggunakan *Law of Mass Action* didapat Model SI dapat digambarkan seperti:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t)$$

selanjutnya ditulis:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI \end{aligned} \quad (2.5)$$

dengan kondisi awal $S(0) = S_0$ dan $I(0) = I_0$.

Pada model SI dapat dikatakan bahwa laju perubahan tertular adalah positif, jadi jumlah individu tertular akan terus meningkat sampai $S(t) = 0$.

Penyelesaian model SI ini, dengan mengubah persamaan (2.5) menjadi :

$$\frac{dI}{dt} = \beta(N - I)I \quad (2.6)$$

Selanjutnya dengan pemisahan variabel dan diintegalkan dengan batas dari 0 sampai t sebagai berikut:

$$\int_{I(0)}^{I(t)} \frac{1}{I(N - I)} dI = \int_0^t \beta dt$$

didapat:

$$I(t) = \frac{I(0)N}{I(0) + (N - I(0))e^{-\beta Nt}}$$

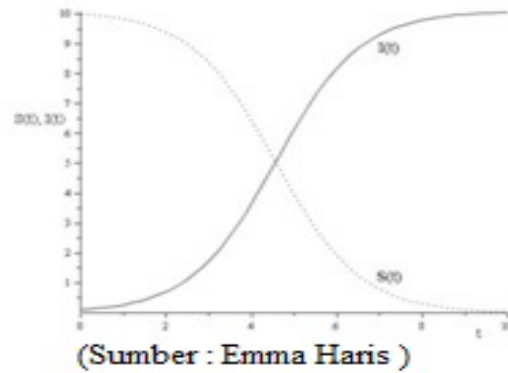
atau ditulis:

$$I(t) = \frac{I_0 N}{I_0 + (N - I_0)e^{-\beta Nt}} \quad (2.7)$$

Dapat di amati bahwa $I(t)$ dengan meningkatnya t dan untuk $t \rightarrow \infty$, $e^{-\beta Nt} \rightarrow 0$.

sehingga $I(t) \rightarrow \frac{I_0 N}{I_0} = N$

Model terakhir ini menyatakan bahwa seiring dengan pertambahan waktu, jumlah populasi terinfeksi akan meningkat yang pada akhirnya semua populasi terinfeksi.



Gambar 2.1 Model SI dengan $\beta = 0,1$ dan nilai awal $S(0) = 10, I(0) = 0,1$

2.2.2 Model epidemi SIS

Asumsi yang digunakan dalam model ini adalah: bahwa populasi yang rentan tetap kontak berdekatan dengan populasi yang terinfeksi sepanjang waktu $t \geq 0$, jumlah populasi konstan sebesar N dengan $N = (S(t) + I(t))$ dimana S dan I saling eksklusif dan pencampuran populasi secara homogen sehingga setiap individu memiliki peluang yang sama terjadinya infeksi. Akan tetapi jumlah atau ukuran populasi yang terinfeksi dapat berkurang seiring adanya perpindahan individu yang terinfeksi berubah status menjadi rentan kembali persatuan waktu dengan proporsi σ . Maka model SIS dapat dikonstruksikan sebagai:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI + \sigma I \\ \frac{dI}{dt} &= -\beta SI - \sigma I\end{aligned}\tag{2.8}$$

dengan kondisi awal $S(0) = S_0$ dan $I(0) = I_0$.

2.2.3 Model epidemi SIR

Model SIR merupakan dasar bagi sebagian besar model deterministik yang masih digunakan sampai saat ini. Model ini pertama kali dikembangkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927. Model SIR memiliki struktur dan asumsi yang sama dengan model SI, perluasannya adalah bahwa pada model SIR dimungkinkan populasi/anggota masyarakat yang terinfeksi untuk sembuh serta total populasi yang berjumlah N dibagi menjadi tiga subkelompok yang saling eksklusif; subkelompok rentan (*Susceptibles*) disimbolkan $S(t)$, subkelompok infeksi/tertular (*Infektives*) disimbolkan $I(t)$ dan subkelompok yang pindah (*Removed*) disimbolkan $R(t)$.

$R(t)$ mewakili individu yang meninggal karena penyakit, sembuh dari infeksi dan sekarang memiliki kekebalan tubuh yang tetap atau individu yang sudah diasingkan dari sisa populasi. Jadi pada subkelompok terakhir ini, tidak lagi berkontribusi pada penyebaran penyakit/epidemi. Akan tetapi masih tetap dipertahankan sebagai anggota total populasi sebesar N meskipun ada kemungkinan diantaranya ada yang sudah meninggal dunia. Pada model ini diasumsikan juga bahwa individu yang masuk pada $R(t)$ tidak dapat kembali terinfeksi. De-

ngan asumsi bahwa α adalah konstanta proporsi dari keadaan individu terinfeksi selanjutnya menjadi *removed* persatuan waktu.

Maka dengan demikian model persamaan diferensial yang mewakili tingkat perubahan populasi yang rentan persatuan waktu tetap seperti pada model SI, seperti pada persamaan (3). Hal ini dikarenakan tidak ada transfer langsung dari individu-individu dari subkelompok rentan terhadap subkelompok yang pindah. Namun model persamaan diferensial dari subkelompok tertular perlu dimodifikasi untuk memperhitungkan jumlah invidu yang tertular dan sembuh/pulih. Ketika jumlah yang pindah sebanding dengan jumlah yang tertular tiap satuan waktu, maka model persamaan diferensialnya menjadi:

$$dI/dt = \beta SI - \alpha I$$

Sedangkan laju perubahan jumlah kepindahan tiap satuan waktu adalah:

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I$$

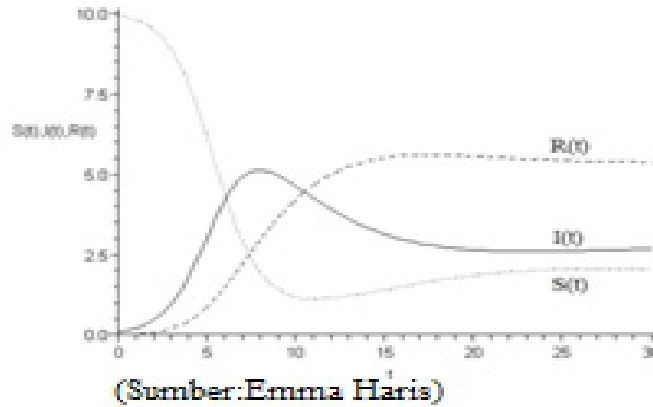
dengan kondisi awal: $R(0) = R_0$, sehingga model persamaan diferensial yang lengkap yang merupakan model SIR adalah:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \alpha I \\ \frac{dR}{dr} &= \alpha I \end{aligned} \tag{2.9}$$

dengan kondisi awal: $S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0$ dan $S(t) + I(t) + R(t) = N$.

Model SIR diatas memiliki dua parameter α dan β yang ditentukan dari hasil analisa data yang diobservasi. Rata-rata penyembuhan αI berhubungan

dengan waktu tunggu eksponensial waktu tunggu $e^{\alpha I}$ dan $\frac{1}{\alpha}$ = rata-rata masa tertular.

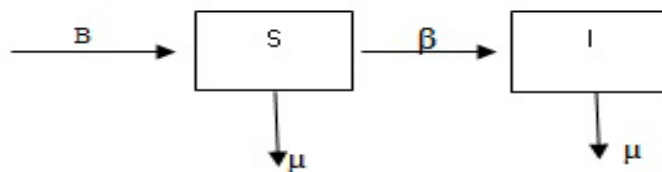


Gambar 2.2 Model SIRS dengan $\alpha = 0,2, \beta = 0,1, \lambda = 0,2$ dan nilai awal $S(0) = 10, I(0) = 0,1$ dan $R(0) = 0$

2.3 Model Epidemi Deterministik (Populasi Terbuka)

Pada model epidemi deterministik dengan populasi terbuka, diasumsikan ada pertam populasi dari kelahiran (B) yang turut berpengaruh terhadap penambahan pada sub populasi S dan selanjutnya diasumsikan bahwa pada setiap sub populasi akan diperhitungkan kematian individu dengan laju/rata-rata kematian μ .

2.3.1 Model SI

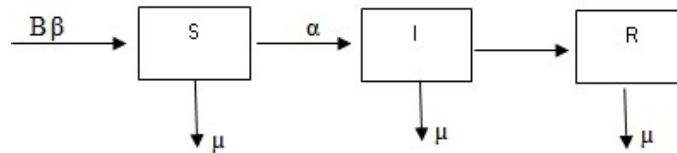


sehingga model SI menjadi μ :

$$\frac{ds}{dt} = B(\beta I + \mu)S \text{ fill} \quad (2.10)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta SI - \mu I$$

2.3.2 Model SIR



Sehingga model SIR deterministik menjadi:

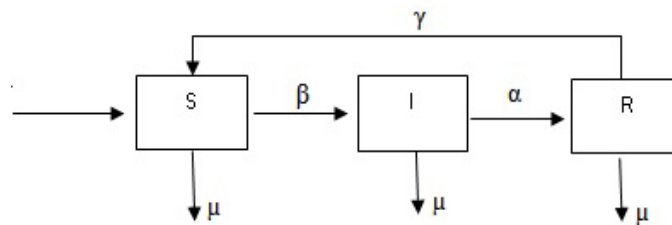
$$\frac{dS}{dt} = B - \mu S - \beta SI$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I - \alpha I \quad (2.11)$$

$$\frac{dR}{dt} = -\mu R + \alpha I$$

$$S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0$$

2.3.3 Model SIRS



$$\frac{dS}{dt} = B - \mu S - \beta SI + \gamma R$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I - \alpha I \quad (2.12)$$

$$\frac{dR}{dt} = -\mu R + \alpha I - \gamma R$$

$$S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0$$