

STABILITAS MODEL MATEMATIKA PENULARAN PENYAKIT MULUT DAN KUKU (PMK)

Aulia Nurita Sari

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : aulia.19040@mhs.unesa.ac.id

Dimas Avian Maulana

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

Penulis Korespondensi : dimasmaulana@mhs.unesa.ac.id

Abstrak

Penyakit Mulut dan Kuku (PMK) adalah penyakit yang disebabkan oleh *Foot-and-Mouth Disease Virus (FMDV)* dari genus *Aphthovirus* dan keluarga *Picornaviridae* yang menyerang semua hewan berkuku genap atau belah seperti sapi, kerbau, babi, kambing, domba dan termasuk satwa liar. Penyakit ini bukan termasuk zoonosis (penyakit yang dapat menular pada manusia). Penelitian ini bertujuan untuk memodelkan PMK secara matematis, mengetahui kestabilan, dan melakukan simulasi numerik model penyebaran PMK. Pada penelitian ini, populasi dibagi menjadi empat kompartemen yaitu rentan/*susceptible* (S), laten/*latent* (L), terinfeksi/*infected* (I) dan sembuh/*recovered* (R). Dari model SLIR ditentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik, kemudian dianalisis kestabilannya dengan menggunakan kriteria Routh-Hurwitz. Selanjutnya ditentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) dan dilakukan analisis sensitivitas terhadap R_0 . Berdasarkan hasil analisis kestabilan pada model SLIR, titik kesetimbangan bebas penyakit stabil jika $R_0 < 1$ yang artinya PMK akan menghilang dan titik kesetimbangan endemik stabil jika $R_0 > 1$ dan $(d + \gamma + \mu)(\beta + \mu + \kappa)(\mu + \omega) > \beta\gamma\omega$ yang artinya PMK akan tetap ada dan menjadi endemik. Hasil simulasi numerik dapat diketahui bahwa terjadi endemik PMK di Provinsi Jawa Timur, hal ini diperkuat dengan nilai $R_0 = 1,16$ yang berarti $R_0 > 1$. Berdasarkan analisis sensitivitas terhadap R_0 tingkat masa inkubasi (α) merupakan parameter yang sensitif. Berdasarkan hasil simulasi numerik dengan mengubah nilai parameter α dapat diketahui bahwa PMK akan menghilang seiring berjalannya waktu apabila $\alpha = 2$ hal ini diperkuat dengan $R_0 = 0,33$.

Kata Kunci: PMK, SLIR, titik kesetimbangan, analisis kestabilan, analisis sensitivitas.

Abstract

Foot and Mouth Disease (FMD) is a disease caused by the Foot-and-Mouth Disease Virus (FMDV) of the genus Aphthovirus and the family Picornaviridae which attacks all even or split hooved animals such as cattle, buffalo, pigs, goats, sheep and includes wild animals. This disease is not a zoonotic (a disease that can be transmitted to humans). This study aims to model FMD mathematically, determine its stability, and perform numerical simulations of FMD distribution models. In this study, the population was divided into four compartments, namely susceptible (S), latent (L), infected (I) and recovered (R). From the SLIR model, disease-free equilibrium points and endemic equilibrium points were determined, then stability was analyzed using the Routh-Hurwitz criteria. Next, the basic reproduction number (R_0) is determined and a sensitivity analysis is performed on R_0 . Based on the results of the stability analysis on the SLIR model, the disease-free equilibrium point is stable if $R_0 < 1$ which means PMK will disappear and the endemic equilibrium point is stable if $R_0 > 1$ and $(d + \gamma + \mu)(\beta + \mu + \kappa)(\mu + \omega) > \beta\gamma\omega$ which means FMD will still exist and become endemic. From the numerical simulation results, it can be seen that FMD is endemic in East Java Province, this is reinforced by the value of $R_0 = 1,16$ which means $R_0 > 1$. Based on the sensitivity analysis to R_0 the incubation period (α) is sensitive parameters. Based on the results of numerical simulations by changing the value of the α parameter, it can be seen that PMK will disappear over time if $\alpha = 2$, this is reinforced by $R_0 = 0,33$.

Keywords: FMD, SLIR, equilibrium point, stability analysis, sensitivity analysis

PENDAHULUAN

Penyakit Mulut dan Kuku (PMK) adalah penyakit yang disebabkan oleh *Foot-and-Mouth Disease Virus (FMDV)* dari genus *Aphthovirus* dan keluarga *Picornaviridae* yang menyerang hewan

berkuku genap atau belah (sapi, kerbau, babi, kambing, domba dan termasuk satwa liar lainnya), gejala klinis PMK antara lain ditemukannya lepuh yang berisi cairan atau luka yang terdapat pada lidah, gusi, hidung, dan teracak atau kuku hewan

yang terinfeksi, kondisi kepincangan atau tidak mampu berjalan, air liur berlebihan, dan hilang nafsu makan (Suharyanto, 2022).

Kasus PMK pertama kali di Indonesia terjadi pada tahun 1887 tepatnya di Malang, Jawa Timur dan pada tahun 1990 Indonesia ditetapkan sebagai negara bebas PMK. Tiga puluh dua tahun setelah Indonesia dinyatakan sebagai negara bebas PMK, penyakit tersebut kembali menyerang ternak yang ada di Indonesia. Laporan kasus PMK telah diterima Kementerian Pertanian RI sehingga dapat dirilis data penularan PMK di Indonesia pada tanggal 25 Mei 2023. Menurut data tersebut, ada enam belas provinsi dan 140 kabupaten/kota yang terkena PMK. Berdasarkan data tersebut ternak yang terjangkit virus PMK adalah sapi, kerbau, babi, domba, dan kambing. Total kasus infeksi virus PMK sebanyak 610.553 kasus dan kematian hewan sebanyak 11.662 ekor. Provinsi Jawa Timur merupakan daerah dengan kasus PMK tertinggi di Indonesia. Kasus PMK telah menyebar ke dua puluh satu kabupaten/kota dan 137 kecamatan. Per tanggal 25 Mei 2023, sebanyak 199.358 ekor hewan terinfeksi PMK, 190.245 ekor sembuh, dan 4.407 ekor mati. Hewan ternak yang paling banyak terinfeksi PMK adalah sapi, dengan rincian 167.674 ekor sakit, 160.749 ekor sembuh, 1.507 ekor mati dan 2.681.134 ekor telah divaksin (PMK, 2022).

PMK merupakan penyakit menular, sehingga dapat dibentuk model matematika seperti beberapa contoh yang disebutkan sebelumnya. Beberapa contoh penelitian mengenai penyebaran PMK yakni (Shikumwifa, 2009) dengan judul "*Mathematical Modeling of Foot and Mouth Disease (FMD) in Cattle and Buffaloes Using Vaccination and Culling: A Namibian Perspective*", dari hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa peningkatan tingkat vaksinasi dan kemanjuran memiliki dampak positif dalam mengurangi penyebaran PMK. (Mushayabasa, Bhunu, & Dhlamini, Impact of Vaccination and Culling on Controlling Foot and Mouth Disease: A Mathematical Modelling Approach, 2011) dengan judul "*Impact of Vaccination and Culling on Controlling Foot and Mouth Disease: A Mathematical Modelling Approach*", hasil penelitian menunjukkan bahwa menunjukkan bahwa PMK dapat dikendalikan secara efektif melalui vaksinasi dan pemotongan. Penelitian terbaru oleh (Mushayabasa, Posny, & Wang, 2016) dengan judul

"*Modeling The Intrinsic Dynamics of Foot-and-Mouth Disease*", hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa vaksinasi saja mungkin tidak cukup untuk memberantas PMK di masyarakat ketika tingkat penularan penyakit cukup tinggi, meskipun vaksin mungkin memiliki efek positif dalam mengurangi kasus PMK ketika wabah terjadi. (Nur, et al., 2023) dengan judul "*Mathematical Model of Foot and Mouth Disease Considering Vaccination Disinfection and Early Quarantine*", hasil penelitian menunjukkan bahwa vaksinasi memiliki peran yang sangat penting dalam mengendalikan penyebaran PMK dan mengurangi angka reproduksi dasar dan intervensi karantina pada kambing laten dan infeksius juga efektif dalam mengendalikan penyebaran PMK.

Berdasarkan latar belakang di atas penulis tertarik untuk mengkaji dengan memodelkan penularan PMK yang ada di Provinsi Jawa Timur.

KAJIAN TEORI

PMK

PMK ditandai dengan demam, kehilangan nafsu makan, pincang atau tidak bisa berdiri, dan muncul lesi vesikular pada mulut, kaki, lubang hidung, dan puting susu (Segundo, Medina, Stenfeldt, Arzt, & Santos, 2017). Berikut adalah gambaran umum tentang garis waktu untuk pemulihan gejala dan kekebalan pada sapi potong yang terinfeksi PMK :

- Tahap akut atau masa inkubasi (0-2 minggu)
Selama tahap akut PMK, sapi menunjukkan tanda-tanda klinis yaitu demam dan nafsu makan berkurang (0-5 hari), terdapat lepuh berisi cairan (pada lidah, gusi, bibir, lubang hidung, dan kaki) yang menyebabkan kepincangan, air liur berlebihan, dan kesulitan makan (2-7 hari), dan lepuh tersebut akan pecah hingga membentuk luka yang menyebabkan tidak bisa berdiri atau ambruk dan nafsu makan semakin berkurang (5-14 hari).
- Tahap pemulihan (2 minggu ke atas)
Dalam waktu dua hingga empat minggu, sapi yang terinfeksi mulai menunjukkan tanda-tanda pemulihan. Luka di lidah, gusi, bibir, lubang hidung, dan kaki mulai sembuh menyebabkan pembentukan kerak dan akan terkelupas. Kepincangan, nafsu makan mulai kembali normal, dan sistem kekebalan tubuh akan membentuk antibodi.

TITIK KESETIMBANGAN

Misalkan suatu persamaan diferensial dinyatakan sebagai berikut.

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x)$$

Dengan $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T \in E \subseteq R_n$, $f = (f_1, f_2, \dots, f_n)^T$, fungsi tak linear dan kontinu. Titik $\bar{x} \in R^n$ disebut titik kesetimbangan (titik kritis/ekuilibrium) persamaan diatas jika $f(\bar{x}) = 0$. Titik tersebut merupakan solusi yang dimana bergantung pada waktu (Boyce, Diprima, & Meade, 2017).

Titik kesetimbangan dapat dikatakan stabil jika dan hanya jika nilai karakteristik dari matriks Jacobian memiliki tanda negatif pada bagian riilnya dan tidak stabil jika sedikitnya satu dari nilai karakteristik memiliki tanda positif pada bagian riilnya (Edward & Penney, 2008).

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Suatu model memiliki parameter ambang batas terjadinya wabah penyakit yang dikenal sebagai bilangan reproduksi dasar (R_0), sedemikian sehingga jika $R_0 < 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil simtotik lokal dan penyakit tidak menyerang populasi (penyakit akan hilang), namun jika $R_0 > 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil dan penyakit sangat mungkin akan terus bertambah menjadi epidemi, dan jika $R_0 = 1$ maka penyakit akan tetap ada pada kurun waktu tertentu sehingga menjadi endemik (Driessche & Watmough, 2002).

Misalkan terdapat n kelas terinfeksi dan m kelas tidak terinfeksi. Selanjutnya dimisalkan pula x menyatakan subpopulasi kelas terinfeksi dan y menyatakan subpopulasi kelas tidak terinfeksi (rentan dan atau sembuh), $x \in R^n$, dan $y \in R^m$ untuk $m, n \in N$, sehingga

$$\begin{aligned} \dot{x} &= \varphi_i(x, y) - \psi_i(x, y), \text{ dengan } i = 1, 2, \dots, n, \\ \dot{y} &= \eta_j(x, y), \text{ dengan } j = 1, 2, 3, \dots, m. \end{aligned}$$

Dengan φ_i adalah laju infeksi sekunder yang menambah pada kelas terinfeksi dan ψ_i adalah laju perkembangan penyakit, kematian, dan atau kesembuhan yang mengakibatkan berkurangnya populasi kelas terinfeksi.

Perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0) berdasarkan linearisasi dari sistem persamaan diferensial yang didekati pada titik kesetimbangan bebas penyakit. Persamaan kompartemen terinfeksi

yang telah dilinearisasi dapat dituliskan sebagai berikut

$$\dot{x} = (F - V)x,$$

dengan F dan V adalah matriks berukuran $n \times n$, dan $F = \frac{\partial \varphi_i}{\partial u_j}(0, y_0)$ dan $V = \frac{\partial \psi_i}{\partial u_j}(0, y_0)$. Selanjutnya didefinisikan matriks K sebagai

$$K = FV^{-1},$$

dengan K disebut sebagai *next generation matrix*. Bilangan reproduksi dasar merupakan nilai eigen dari FV^{-1} dengan nilai absolut terbesar (radius spektral (ρ) dari FV^{-1}), sehingga

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

MODEL MATEMATIKA PENULARAN PENYAKIT

Berikut merupakan model matematika (Brauer, Chavez, & Feng, 2019) :

- Model Matematika SIS

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \alpha I \\ I' &= \beta SI - \alpha I \end{aligned}$$
- Model SIR dengan Kelahiran dan Kematian

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \mu(N - S) \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I \\ R' &= \alpha I - \mu R \end{aligned}$$
- Model SEIR

$$\begin{aligned} S' &= \Lambda(N) - \beta SI - \mu S \\ E' &= \beta SI - (\kappa + \mu)E \\ I' &= \kappa E - (\alpha + \mu)I \end{aligned}$$

ANALISIS SENSITIVITAS

Analisis sensitivitas memberikan informasi seberapa penting setiap parameter terhadap penularan penyakit. Analisis ini sering digunakan untuk mengetahui kekokohan suatu model dari perubahan nilai parameternya. Indeks sensitivitas sering digunakan untuk mengukur perubahan relatif suatu variabel ketika parameter diubah. Indeks sensitivitas maju yang dinormalisasi dari R_0 tergantung pada parameter p , yang didefinisikan oleh (Harianto & Tutuop, 2022).

$$Y_p^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial p} \times \frac{p}{R_0}$$

METODE PENELITIAN

Dalam penelitian yang dilakukan, penulis menggunakan studi literatur yang mengkaji konsep dan teori melalui berbagai sumber pustaka yang berkaitan dengan masalah yang dibahas dalam penelitian.

Data yang digunakan dalam penelitian ini berupa data sekunder yang diperoleh dari laman *crisis center* PMK. Data tersebut antara lain total populasi sapi potong sebanyak 4.938.874 ekor, jumlah sapi potong yang terinfeksi sebanyak 167.674 ekor, jumlah sapi potong yang sudah tervaksin sebanyak 2.681.134 ekor, jumlah sapi potong yang sembuh sebanyak 160.749 ekor, jumlah sapi potong yang mati sebanyak 1.507 ekor, dan jumlah sapi yang dipotong sebanyak 3.457 ekor.

HASIL DAN PEMBAHASAN

KONSTRUKSI MODEL PENULARAN PMK

Dalam model penularan PMK populasi sapi potong dibagi menjadi empat populasi, yaitu populasi rentan/*susceptible* (S) yang menyatakan populasi sapi potong yang bebas dari penyakit tetapi berisiko tertular, populasi laten/*latent* (L) yang menyatakan populasi sapi potong yang terinfeksi tetapi belum dapat menularkan virus tersebut, populasi terinfeksi/*infected* (I) yang menyatakan populasi sapi potong yang terinfeksi oleh FMDV dan memiliki kemampuan menularkan virus tersebut kepada sapi potong lainnya, dan populasi sembuh/*recovered* (R) yang menyatakan populasi sapi potong yang sembuh dari infeksi virus. Asumsi-asumsi yang digunakan dalam pembentukan model sebagai berikut :

1. Populasi diasumsikan tertutup.
2. Tingkat kelahiran dan kematian alami sama.
3. PMK merupakan penyakit yang dapat disembuhkan dan apabila dibiarkan akan menyebabkan kematian.
4. Pada awal pandemi pemerintah memberi kebijakan untuk dilakukan pemotongan sehingga terdapat parameter tingkat pemotongan.
5. Populasi rentan dapat berpindah ke populasi sembuh jika sudah diberi vaksinasi.
6. Populasi sembuh dapat berpindah ke populasi rentan karena kehilangan kekebalan tubuh.

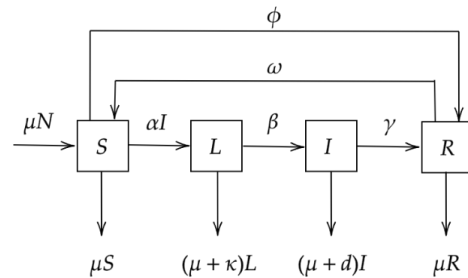
Adapun parameter yang digunakan penelitian ini sebagai berikut :

Tabel 1. Parameter

Parameter	Deskripsi
μ	Tingkat kelahiran/kematian alami ($\mu > 0$)
ϕ	Tingkat vaksinasi ($\phi > 0$)
β	Tingkat penularan penyakit ($\beta > 0$)

α	Tingkat masa inkubasi ($\alpha > 0$)
γ	Tingkat kesembuhan ($\gamma > 0$)
κ	Tingkat pemotongan ($\kappa > 0$)
d	Tingkat kematian karena PMK, ($d > 0$)
ω	Tingkat kehilangan kekebalan ($\omega > 0$)

Berikut merupakan diagram kompartemen model SLIR.



Gambar 1. Diagram Kompartemen Model SLIR

Dari Gambar 2 diperoleh sistem persamaan matematika dari model matematika penularan PMK sebagai berikut :

$$\frac{ds}{dt} = \mu N - (\phi + \mu + \alpha I)S + \omega R$$

$$\frac{dL}{dt} = \alpha IS - (\beta + \mu + \kappa)L$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta L - (d + \gamma + \mu)I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \phi S - (\mu + \omega)R$$

Dengan memisalkan $s = \frac{S}{N}; l = \frac{L}{N}; i = \frac{I}{N}; r = \frac{R}{N}$, model dapat disederhanakan menjadi :

$$\frac{ds}{dt} = \mu - (\phi + \mu + \alpha i)s + \omega r \tag{1}$$

$$\frac{dl}{dt} = \alpha i s - (\beta + \mu + \kappa)l \tag{2}$$

$$\frac{di}{dt} = \beta l - (d + \gamma + \mu)i \tag{3}$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i + \phi s - (\mu + \omega)r \tag{4}$$

TITIK KESETIMBANGAN

Model matematika penularan penyakit memiliki dua titik kesetimbangan yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik. Titik kesetimbangan dinyatakan sebagai $\xi = (s, l, i, r) = (0,0,0,0)$ diperoleh jika memenuhi $\frac{ds}{dt} = 0, \frac{dl}{dt} = 0, \frac{di}{dt} = 0, \text{ dan } \frac{dr}{dt} = 0$. Berikut merupakan hasil perhitungan titik kesetimbangan :

$$s = \frac{\mu + \omega r}{\phi + \mu + \alpha i} \tag{5}$$

$$l = \frac{\alpha i s}{\beta + \mu + \kappa} \tag{6}$$

$$i = \frac{\beta l}{d + \gamma + \mu} \tag{7}$$

$$r = \frac{\gamma i + \phi s}{\mu + \omega} \tag{8}$$

Titik kesetimbangan bebas penyakit adalah kondisi dimana tidak ada penularan virus PMK

dalam populasi. Oleh karena itu, untuk mendapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit ini, dengan asumsi tidak ada infeksi virus PMK, maka $l_0 = 0$ dan $i_0 = 0$, lalu substitusikan ke dalam rumus (5), (6), (7), dan (8). Titik kesetimbangan bebas penyakit dapat dinyatakan sebagai $\xi_0 = (s_0, l_0, i_0, r_0) = (\frac{\mu+\omega}{\mu+\omega+\phi}, 0, 0, \frac{\phi}{\mu+\omega+\phi})$.

Titik kesetimbangan endemik mengacu pada kondisi dimana virus PMK menyebar dan terus menetap di populasi, sehingga pada saat $l_1 \neq 0$ dan $i_1 \neq 0$ dapat diperoleh titik ekuilibrium endemik. Titik kesetimbangan endemik dapat dinyatakan dalam $\xi_1 = (s_1, l_1, i_1, r_1)$ dengan,

$$s_1 = \frac{(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)}{\alpha\beta} \tag{9}$$

$$i_1 = \frac{\mu(\alpha\beta(\mu+\omega)-(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi))}{\alpha((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega)} \tag{10}$$

$$l_1 = \frac{\mu(d+\gamma+\mu)(\alpha\beta(\mu+\omega)-(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi))}{\alpha\beta((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega)} \tag{11}$$

$$r_1 = \frac{(\mu(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)+\omega((\beta+\mu+\kappa)(d+\mu)+\gamma(\mu+\kappa)))}{\alpha\beta\omega((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega)} \times \frac{((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\phi+\mu)-\alpha\beta\mu)}{\alpha\beta\omega((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega)} - \frac{\mu(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi)-\alpha\beta(\mu+\omega))}{\alpha\beta\omega((d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega)} \tag{12}$$

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Berikut merupakan persamaan populasi terinfeksi yang digunakan :

$$\frac{dl}{dt} = \alpha is - (\beta + \mu + \kappa)l$$

$$\frac{di}{dt} = \beta l - (d + \gamma + \mu)i$$

Dari persamaan-persamaan di atas disusun matriks f adalah laju terjadinya infeksi baru pada populasi i , dan matriks v adalah laju perpindahan individu keluar dari populasi i dikurangi laju perpindahan individu masuk ke populasi i . Berikut merupakan matriks f dan v :

$$f = \begin{bmatrix} \alpha is \\ 0 \end{bmatrix} \text{ dan } v = \begin{bmatrix} (\beta + \mu + \kappa)l \\ (d + \gamma + \mu)i - \beta l \end{bmatrix}$$

Kemudian dicari matriks F dan V merupakan Jacobian dari f dan v dan dilinearisasi, sehingga diperoleh

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \alpha s_0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } V = \begin{bmatrix} \beta + \mu + \kappa & 0 \\ -\beta & d + \gamma + \mu \end{bmatrix}$$

Lalu substitusikan s_0 ke matriks F sehingga diperoleh

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \alpha \left(\frac{\mu+\omega}{\mu+\omega+\phi}\right) \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } V = \begin{bmatrix} \beta + \mu + \kappa & 0 \\ -\beta & d + \gamma + \mu \end{bmatrix}$$

Kemudian mencari *next generation matrix* yaitu $K = FV^{-1}$, sehingga diperoleh

$$K = \begin{bmatrix} \frac{\alpha(\mu+\omega)\beta}{(\mu+\omega+\phi)(\beta+\mu+\kappa)(d+\gamma+\mu)} & \frac{\alpha(\mu+\omega)}{(\mu+\omega+\phi)(d+\gamma+\mu)} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Selanjutnya dicari persamaan karakteristik dari matriks K untuk mendapatkan nilai eigen. Persamaan karakteristik didapatkan dengan menggunakan rumus $|K - \lambda I| = 0$, sehingga

$$\begin{vmatrix} \frac{\alpha(\mu+\omega)\beta}{(\mu+\omega+\phi)(\beta+\mu+\kappa)(d+\gamma+\mu)} - \lambda & \frac{\alpha(\mu+\omega)}{(\mu+\omega+\phi)(d+\gamma+\mu)} \\ 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0$$

Persamaan karakteristik dari matriks K sebagai berikut :

$$-\lambda \left(\frac{\alpha(\mu + \omega)\beta}{(\mu + \omega + \phi)(\beta + \mu + \kappa)(d + \gamma + \mu)} - \lambda \right)$$

Bilangan reproduksi dasar adalah nilai eigen dari matriks K dengan nilai absolut terbesar (radius spektral (ρ) dari matriks K), sehingga diperoleh nilai R_0 sebagai berikut :

$$\rho(R_0) = \frac{\alpha\beta(\mu + \omega)}{(\mu + \omega + \phi)(\beta + \mu + \kappa)(d + \gamma + \mu)}$$

ANALISIS KESTABILAN TITIK KESETIMBANGAN

Analisis kestabilan digunakan untuk mengetahui laju perubahan pada model SLIR PMK. Persamaan (1), (2), (3), dan (4) merupakan persamaan tak linear, oleh sebab itu sebelum melakukan analisis kestabilan, perlu dilakukan linearisasi dengan menggunakan matriks Jacobian. Berikut merupakan persamaan-persamaan yang akan dilinearisasi :

$$f_1 = \mu - (\phi + \mu + \alpha i)s + \omega r \tag{13}$$

$$f_2 = \alpha is - (\beta + \mu + \kappa)l \tag{14}$$

$$f_3 = \beta l - (d + \gamma + \mu)i \tag{15}$$

$$f_4 = \gamma i + \phi s - \mu r - \omega r \tag{16}$$

Dari persamaan (13), (14), (15), dan (16) akan dibentuk matriks Jacobian, sehingga diperoleh :

$$J = \begin{bmatrix} A & 0 & -\alpha s & \omega \\ \alpha i & B & \alpha s & 0 \\ 0 & \beta & C & 0 \\ \phi & 0 & \gamma & D \end{bmatrix}$$

dengan :

$$A = -(\phi + \mu + \alpha i)$$

$$B = -(\beta + \mu + \kappa)$$

$$C = -(d + \gamma + \mu)$$

$$D = -(\mu + \omega)$$

Setelah diperoleh matriks Jacobian, kestabilan dapat ditentukan dengan menggunakan nilai eigen dari matriks Jacobian.

1. Kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit Analisis kestabilan dilakukan disekitar titik kesetimbangan bebas penyakit $\xi_0 = (s_0, l_0, i_0, r_0)$ kedalam matriks J , sehingga diperoleh matriks

Jacobian titik kesetimbangan bebas penyakit $J(\xi_0)$ sebagai berikut :

$$J(\xi_0) = \begin{bmatrix} a_1 & 0 & -x_1 & \omega \\ 0 & b_1 & x_1 & 0 \\ 0 & \beta & c_1 & 0 \\ \phi & 0 & \gamma & d_1 \end{bmatrix}$$

dengan :

$$\begin{aligned} a_1 &= -(\phi + \mu) \\ b_1 &= -(\beta + \mu + \kappa) \\ c_1 &= -(d + \gamma + \mu) \\ d_1 &= -(\mu + \omega) \\ x_1 &= \alpha \left(\frac{\mu + \omega}{\mu + \omega + \phi} \right) \end{aligned}$$

Persamaan karakteristik didapatkan dengan menggunakan rumus $|J(\xi_0) - \lambda I| = 0$, sehingga diperoleh

$$[\lambda + \mu][\lambda + (\mu + \omega + \phi)] \left[\lambda^2 + (\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu)\lambda + (\beta + \mu + \kappa)(d + \gamma + \mu) - \frac{\alpha\beta(\mu + \omega)}{\mu + \omega + \phi} \right] = 0$$

Diperoleh nilai eigen sebagai berikut.

$$\lambda_1 = -\mu, \lambda_2 = -(\mu + \omega + \phi)$$

Karena μ , ϕ , dan ω bernilai positif, maka terlihat jelas bahwa nilai $\lambda_1 < 0$ dan $\lambda_2 < 0$. Untuk nilai eigen λ_3 dan λ_4 diperoleh dari akar persamaan berikut.

$$\lambda^2 + (\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu)\lambda + (\beta + \mu + \kappa)(d + \gamma + \mu) - \frac{\alpha\beta(\mu + \omega)}{\mu + \omega + \phi} = 0$$

Dari persamaan di atas diperoleh bentuk Routh-Hurwitz sebagai berikut.

Tabel 2. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

λ^2	a_1	a_3
λ^1	a_2	
λ^0	a_3	

Keterangan :

$$\begin{aligned} a_1 &= 1 \\ a_2 &= (\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu) \\ a_3 &= (\beta + \mu + \kappa)(d + \gamma + \mu) - \frac{\alpha\beta(\mu + \omega)}{\mu + \omega + \phi} \end{aligned}$$

Nilai $a_1 = 1$, maka jelas positif. Nilai $a_2 = (\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu)$, jelas positif karena nilai-nilai dari parameternya bernilai positif. Nilai a_3 akan dianalisis sebagai berikut. Jika nilai a_3 bernilai positif maka haruslah lebih dari nol ($a_3 > 0$). Sehingga diperoleh

$$\frac{\alpha\beta(\mu + \omega)}{(\mu + \omega + \phi)(\beta + \mu + \kappa)(d + \gamma + \mu)} < 1$$

dapat ditulis menjadi

$$R_0 < 1$$

Jadi, dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil jika memenuhi $R_0 < 1$.

2. Kestabilan titik kesetimbangan endemik

Analisis kestabilan akan dilakukan disekitar titik kesetimbangan endemik $\xi_1 = (s_1, l_1, i_1, r_1)$ kedalam matriks J , sehingga diperoleh matriks Jacobian titik kesetimbangan bebas penyakit $J(\xi_1)$ sebagai berikut.

$$J(\xi_1) = \begin{bmatrix} a_2 & 0 & -x_2 & \omega \\ y & b_2 & x_2 & 0 \\ 0 & \beta & c_2 & 0 \\ \phi & 0 & \gamma & d_2 \end{bmatrix}$$

dengan :

$$\begin{aligned} a_2 &= -(\phi + \mu + \alpha i_1) \\ b_2 &= -(\beta + \mu + \kappa) \\ c_2 &= -(d + \gamma + \mu) \\ d_2 &= -(\mu + \omega) \\ x_2 &= \frac{(d + \gamma + \mu)(\beta + \mu + \kappa)}{\beta} \\ y &= \frac{\mu(\alpha\beta(\mu + \omega) - (d + \gamma + \mu)(\beta + \mu + \kappa)(\mu + \omega + \phi))}{(d + \gamma + \mu)(\beta + \mu + \kappa)(\mu + \omega) - \beta\gamma\omega} \end{aligned}$$

Persamaan karakteristik didapatkan dengan menggunakan rumus $|J(\xi_1) - \lambda I| = 0$, sehingga diperoleh

$$a_1\lambda^4 + a_2\lambda^3 + a_3\lambda^2 + a_4\lambda + a_5 = 0$$

Dengan :

$$\begin{aligned} a_1 &= 1 \\ a_2 &= (\alpha i_1 + \beta + d + \gamma + \kappa + 4\mu + \omega + \phi) \\ a_3 &= (\alpha i_1 + 2\mu + \omega + \phi)(\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu) + \mu^2 + \mu\phi + \mu\omega + \mu\alpha i_1 + \omega\alpha i_1 \\ a_4 &= (\mu^2 + \mu\phi + \mu\omega + \mu\alpha i_1 + \omega\alpha i_1)(\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu) + \alpha^2\beta s_1 i_1 \\ a_5 &= \alpha\beta i_1(\alpha s_1(\mu + \omega) - \gamma\omega) \end{aligned}$$

Selanjutnya dibentuk bentuk Routh-Hurwitz sebagai berikut.

Tabel 3. Titik Kesetimbangan Endemik

λ^4	a_1	a_3	a_5
λ^3	a_2	a_4	
λ^2	b_1	a_5	
λ^1	b_2		
λ^0	a_5		

Keterangan :

$$\begin{aligned} a_1 &= 1 \\ a_2 &= (\alpha i_1 + \beta + d + \gamma + \kappa + 4\mu + \omega + \phi) \\ a_3 &= (\alpha i_1 + 2\mu + \omega + \phi)(\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu) + \mu^2 + \mu\phi + \mu\omega + \mu\alpha i_1 + \omega\alpha i_1 \\ a_4 &= (\mu^2 + \mu\phi + \mu\omega + \mu\alpha i_1 + \omega\alpha i_1)(\beta + d + \gamma + \kappa + 2\mu) + \alpha^2\beta s_1 i_1 \\ a_5 &= \alpha\beta i_1(\alpha s_1(\mu + \omega) - \gamma\omega) \\ b_1 &= \frac{a_2 a_3 - a_1 a_4}{a_2} \\ b_2 &= \frac{a_2 a_3 a_4 - a_1 a_4^2 - a_2^2 a_5}{a_2 a_3 - a_1 a_4} \end{aligned}$$

Nilai elemen pertama $a_1 = 1$ maka jelas positif, maka

Kasus pertama

$$a_2 > 0$$

Kasus kedua

$$a_2 a_3 - a_1 a_4 > 0$$

Kasus ketiga

$$a_2 a_3 a_4 - a_1 a_4^2 - a_2^2 a_5 > 0$$

Kasus keempat

$$a_5 > 0$$

Karena $a_2, a_3, a_4,$ dan a_5 memuat bentuk $\alpha i_1 = \frac{\mu(\alpha\beta(\mu+\omega)-(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi))}{(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega}$ agar $a_2 > 0,$

$0, a_2 a_3 - a_1 a_4 > 0, a_2 a_3 a_4 - a_1 a_4^2 - a_2^2 a_5 > 0,$ dan $a_5 > 0$ maka αi_1 haruslah $\alpha i_1 > 0,$ sehingga diperoleh

$$\frac{\mu(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi)\left(\frac{\alpha\beta(\mu+\omega)}{(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi)}-1\right)}{(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega} > 0$$

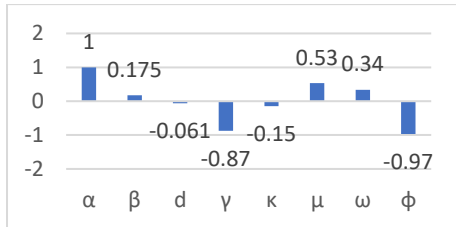
Pertidaksamaan di atas memuat bentuk dari R_0 maka dapat ditulis menjadi

$$\frac{\mu(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi)(R_0-1)}{(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega)-\beta\gamma\omega} > 0$$

Karena semua nilai parameter bernilai positif maka $\mu(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega+\phi) > 0.$ Agar pertidaksamaan bernilai positif maka $R_0 - 1$ dan $(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega) - \beta\gamma\omega$ harus bernilai positif atau $R_0 > 1$ dan $(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega) > \beta\gamma\omega.$ Jadi, dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan endemik akan stabil jika memenuhi $R_0 > 1$ dan $(d+\gamma+\mu)(\beta+\mu+\kappa)(\mu+\omega) > \beta\gamma\omega.$

ANALISIS SENSITIVITAS

Hasil analisis sensitivitas terhadap R_0 disajikan dalam gambar di bawah ini.



Gambar 2. Indeks sensitivitas terhadap R_0

Berdasarkan Gambar 3 dapat diketahui parameter yang berpengaruh rendah hingga tinggi terhadap bilangan reproduksi dasar R_0 . Secara umum, terdapat parameter yang paling berpengaruh terhadap R_0 yaitu tingkat masa inkubasi (α).

SIMULASI NUMERIK

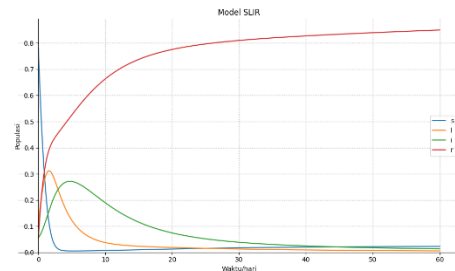
Tabel 4. Nilai Awal Tiap Populasi

Populasi	Nilai
Total populasi (n)	1
Rentan (s)	0,78
Laten (l)	0,11
Terinfeksi (i)	0,06
Sembuh (r)	0,05

Tabel 5. Nilai Parameter pada Model SLIR

Parameter	Nilai	Satuan	Sumber
μ	0,01	hari ⁻¹	(Gashirai, Musekwa, & Mushayabasa, 2021)
ϕ	0,54	hari ⁻¹	Hasil perhitungan dari (PMK, 2022)
β	0,33	hari ⁻¹	(Tadesse, Molla, Mengsitu, & Jemberu, 2019)
α	7	hari	(Mushayabasa, Posny, & Wang, 2016)
γ	0,143	hari ⁻¹	(Ringa & Bauch, 2014)
κ	0,06	hari ⁻¹	Hasil perhitungan dari (PMK, 2022)
d	0,01	hari ⁻¹	Hasil perhitungan dari (PMK, 2022)
ω	0,0056	hari ⁻¹	(Ringa & Bauch, 2014)

Hasil simulasi numerik model SLIR sebagai berikut.

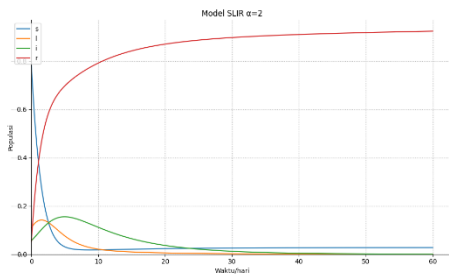


Gambar 3. Hasil Simulasi Model SLIR

Pada Gambar 4 terlihat bahwa populasi s mengalami penurunan secara signifikan dari 0.78 ke 0.01 pada enam hari di awal kemudian kembali naik menuju titik kesetimbangan pada hari ke-167 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Hal ini terjadi karena adanya populasi s yang terinfeksi, mati secara alami dan ada yang divaksinasi. Populasi l mengalami kenaikan dari 0.11 ke 0.31 pada empat hari di awal, kemudian turun kembali menjadi 0.11 hingga hari kesepuluh, dan setelah hari kesepuluh l menuju titik kesetimbangan pada hari ke-110 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Kenaikan populasi l karena ada populasi s yang masuk dan penurunan terjadi karena dilakukan pemotongan, mati secara alami dan berpindah ke populasi i. Populasi i mengalami kenaikan dari 0.06

ke 0.27 pada delapan hari di awal dan setelah itu kembali turun menuju titik kesetimbangan pada hari ke-203 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Kenaikan ini terjadi karena adanya populasi *l* yang masuk dan penurunan terjadi karena adanya sapi potong yang mati secara alami dan karena PMK. Populasi *r* mengalami kenaikan secara signifikan dari 0.05 ke 0.8 pada 47 hari di awal dan setelah itu tetap naik menuju titik kesetimbangan pada hari ke-853 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Kenaikan populasi *r* terjadi karena adanya sapi potong yang divaksinasi dan sapi potong yang sembuh, sedangkan penurunan terjadi karena kematian alami dan seiring berjalannya waktu sapi potong yang sembuh akan kehilangan kekebalan tubuh sehingga berpindah ke populasi *s*.

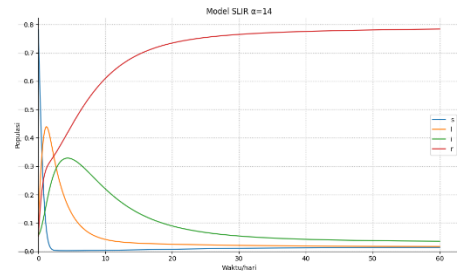
Selanjutnya, akan dilakukan simulasi dengan mengubah nilai parameter α dimana yang awalnya 7 diturunkan menjadi 2 dan dinaikkan menjadi 14. Hasil simulasi dengan nilai $\alpha = 2$ dapat dilihat pada gambar berikut.



Gambar 4. Hasil Simulasi Model SLIR dengan Nilai $\alpha = 2$

Pada Gambar 5 terlihat bahwa populasi *s* mengalami penurunan secara signifikan dari 0.78 ke 0.1 pada enam hari pertama setelah itu turun menuju titik kesetimbangan pada hari ke-43 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Populasi *l* mengalami kenaikan dari 0.11 ke 0.14 pada empat hari pertama, kemudian turun menuju titik kesetimbangan pada hari ke-37 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Populasi *i* mengalami kenaikan dari 0.06 ke 0.16 pada sepuluh hari pertama, kemudian turun kembali menuju titik kesetimbangan pada hari ke-66 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Populasi *r* mengalami kenaikan dari 0.05 ke 0.57 pada lima hari pertama dan tetap naik menuju titik kesetimbangan pada hari ke-423 sampai waktu yang tidak dapat ditentukan.

Hasil simulasi dengan nilai $\alpha = 14$ dapat dilihat pada gambar berikut.



Gambar 5. Hasil Simulasi Model SLIR dengan Nilai $\alpha = 14$

Pada Gambar 6 terlihat bahwa populasi *s* mengalami penurunan secara signifikan dari 0.78 ke 0 pada lima pertama, kemudian naik menuju titik kesetimbangan sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Populasi *l* mengalami kenaikan dari 0.11 ke 0.44 pada tiga hari pertama setelah itu mengalami penurunan menuju titik kesetimbangan sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Populasi *i* mengalami kenaikan dari 0.06 ke 0.33 pada sembilan hari pertama setelah itu menurun menuju titik kesetimbangan sampai waktu yang tidak dapat ditentukan. Populasi *r* mengalami kenaikan dari 0.05 ke 0.23 pada dua hari pertama setelah itu tetap naik menuju titik kesetimbangan sampai waktu yang tidak dapat ditentukan.

Berdasarkan hasil simulasi numerik dari model SLIR dengan perubahan pada parameter α . Dapat diketahui bahwa PMK akan menghilang ketika $\alpha = 2$ hal ini diperkuat dengan nilai nilai $R_0 = 0,33$ pada saat $\alpha = 2$ diperoleh sedangkan nilai $\alpha = 14$ diperoleh nilai $R_0 = 2,33$.

PENUTUP

SIMPULAN

Sistem persamaan model penularan penyakit mulut dan kuku (PMK) sebagai berikut :

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - (\phi + \mu + \alpha I)S + \omega R$$

$$\frac{dL}{dt} = \alpha I S - (\beta + \mu + \kappa)L$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta L - (d + \gamma + \mu)I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \phi S - (\mu + \omega)R$$

Dengan memisalkan $s = \frac{S}{N}; l = \frac{L}{N}; i = \frac{I}{N}; r = \frac{R}{N}$, model dapat disederhanakan menjadi :

$$\frac{ds}{dt} = \mu - (\phi + \mu + \alpha i)s + \omega r \tag{1}$$

$$\frac{dl}{dt} = \alpha i s - (\beta + \mu + \kappa)l \tag{2}$$

$$\frac{di}{dt} = \beta l - (d + \gamma + \mu)i \tag{3}$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i + \phi s - (\mu + \omega)r \tag{4}$$

Dari sistem persamaan diatas diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit $\xi_0 = (s_0, l_0, i_0, r_0) = \left(\frac{\mu+\omega}{\mu+\omega+\phi}, 0, 0, \frac{\phi}{\mu+\omega+\phi}\right)$ dan titik kesetimbangan endemik $\xi_1 = (s_1, l_1, i_1, r_1)$. Berdasarkan hasil analisis kestabilan titik kesetimbangan, titik kesetimbangan bebas penyakit stabil jika $R_0 < 1$ dan titik kesetimbangan endemik stabil jika $R_0 > 1$ serta $(d + \gamma + \mu)(\beta + \mu + \kappa)(\mu + \omega) > \beta\gamma\omega$.

Dari hasil simulasi dapat diketahui bahwa di Provinsi Jawa Timur mengalami endemik PMK hal ini diperkuat dengan $R_0 = 1,16$ yang berarti $R_0 > 1$. Hasil simulasi numerik model SLIR terhadap parameter α diperoleh bahwa ketika $\alpha = 2$ PMK akan menghilang seiring berjalannya waktu, hal ini diperkuat dengan $R_0 = 0,33$. Sedangkan, PMK akan menjadi endemik ketika $\alpha = 14$ hal ini diperkuat dengan $R_0 = 2,33$.

SARAN

Setelah dilakukan penelitian ini, diperoleh bahwa tingkat masa inkubasi dan tingkat vaksinasi sangat berpengaruh pada penularan PMK. Oleh karena itu, saran untuk masa yang akan datang agar PMK menghilang maka perlu mempersingkat masa inkubasi dengan memberikan vitamin agar sistem kekebalan tubuh tidak menurun.

DAFTAR PUSTAKA

Atul, R. (2019). PEMODELAN SEIV PENYEBARAN PENYAKIT HEPATITIS B.

Boyce, W., Diprima, R., & Meade, D. (2017). Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems. United States of America: Wiley.

Brauer, f., Chavez, C. C., & Feng, Z. (2019). Mathematical Models in Epidemiology. Springer.

Brauer, F., Driessche, P., & Wu, J. (2008). Mathematical Epidemiology.

Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission.

Edward, C., & Penney, D. (2008). Differential Equations and Linear Algebra. New Jersey: Prentice-Hall.

Gashirai, T., Musekwa, S., & Mushayabasa, S. (2021). Dynamical analysis of a fractional-order foot-and-mouth disease model. Mathematical Sciences, 65-82.

Hariato, J., & Tuturop, K. (2022). Analisis Sensitivitas Model Matematika Penyebaran

Penyakit Tuberkulosis. JURNAL ILMIAH MATEMATIKA DAN TERAPAN, 29-38.

Ikhtisholiah. (2011). Analisis Stabilitas dan Optimal Kontrol Pada Model.

Mushayabasa, S., Bhunu, C., & Dhlamini, M. (2011). Impact of Vaccination and Culling on Controlling Foot and Mouth Disease: A Mathematical Modelling Approach. World Journal of Vaccines, 156-161.

Mushayabasa, S., Posny, D., & Wang, J. (2016). Modeling the intrinsic dynamics of foot-and-mouth disease. Mathematical Biosciences and Engineering, 425-442.

Nur, W., Darmawati, Afni, N., Bulawan, S., Haeni, N., Abdullah, . . . Salim. (2023). MATHEMATICAL MODEL OF FOOT AND MOUTH DISEASE CONSIDERING VACCINATION DISINFECTION AND EARLY QUARANTINE.

PMK, P. D. (2022). Peta Wilayah Terdampak PMK - Siaga PMK - Kementerian Pertanian Republik Indonesia. Retrieved from Crisis Center PMK: <https://crisiscenterpmk.ditjenpkh.pertanian.go.id/peta-terdampak-pmk>

Ringa, N., & Bauch, C. (2014). Dynamics and control of foot-and-mouth disease in endemic countries: A pair approximation model. Journal of Theoretical Biology, 150-159.

Segundo, F.-S., Medina, G., Stenfeldt, C., Arzt, J., & Santos, T. (2017). Foot-and-mouth disease vaccines. Veterinary Microbiology, 102-112.

Shikumwifa, E. (2009). MATHEMATICAL MODELING OF FOOT AND MOUTH DISEASE (FMD) IN CATTLE AND BUFFALOES USING VACCINATION AND CULLING: A NAMIBIAN PERSPECTIVE.

Suharyanto. (2022). SURAT EDARAN NOMOR 2 TAHUN 2022 TENTANG PROTOKOL KESEHATAN PENGENDALIAN PENYAKIT MULUT DAN KUKU. Jakarta.

Tadesse, B., Molla, W., Mengsitu, A., & Jemberu, W. (2019). Transmission dynamics of foot and mouth disease in selected outbreak areas of northwest Ethiopia. Epidemiology and Infection.