

PENERAPAN METODE REDUKSI GRAF UNTUK PENENTUAN R_0 PADA MODEL VECTOR-HOST

Effendi

Staf Pengajar Jurusan Matematika FMIPA Universitas Andalas, Padang

Email: efendi@fmipa.unand.ac.id

ABSTRACT

The basic reproduction number R_0 is defined as the number of new infections that occur after one initial infections is introduced into a susceptible population. In epidemiological models of infectious diseases, the basic reproduction number R_0 is used as a threshold parameter to determine the condition for disease outbreaks and extinctions. There are many methods available in literatures for basic reproduction number R_0 calculations. In this paper, two methods for basic reproduction number R_0 calculations, next generation matrix method and digraph reduction method were considered. Both methods applied to compartmental models that possess a disease free equilibrium point. For example, the next generation matrix method and the digraph reduction method were applied to vector-host model. Since the digraph reduction method avoids the direct calculation of a matrix inverse or determinants as in the next generation matrix method, the digraph reduction method can be practical for large systems and is a good alternative to the next generation matrix method.

Keyword: *Basic reproduction number, next generation matrix method, digraph reduction method, vector-host model.*

PENDAHULUAN

Salah satu konsep penting dalam kajian Epidemiologi adalah bilangan reproduksi dasar. Dalam model epidemi, diketahui bahwa, suatu infeksi akan punah jika $R_0 < 1$; sedangkan infeksi berlanjut jika $R_0 > 1$ (Supriatna, 2009). Dari konsep ini, untuk mengetahui tren atau perilaku jangka panjang dari suatu infeksi dalam populasi suseptibel, perlu dihitung bilangan reproduksi dasar R_0 .

Bilangan reproduksi dasar (*basic reproduction number*) R_0 , adalah jumlah harapan infeksi atau jumlah infeksi baru yang dihasilkan dari satu infeksi awal yang muncul pada populasi suseptibel (Beck, 2007 dan Heesterbeek, 2002). Oleh karena itu, perhitungan R_0 melibatkan perkalian laju infeksi dengan lama waktu infeksi.

Disamping itu, dalam prakteknya ada beberapa hal yang perlu diperhatikan dalam penghitungan R_0 , yaitu distribusi periode

infeksi, struktur populasi (host-Vector) baik dari segi umur, perilaku, dan keanekaragaman spesies.

Berkaitan dengan struktur populasi, salah satu model yang penting adalah model kompartemen waktu kontinu menggunakan sistem persamaan diferensial. Pada model ini infeksi dibedakan atas beberapa kompartemen. Tiap kompartemen mempunyai ukuran-ukuran parameter yang disusun dalam bentuk matrik yang dikenal dengan matrik laju infeksi F dan matrik laju transmisi V .

Pada populasi yang sangat besar dengan total populasi yang terinfeksi relatif lebih kecil, maka dapat diasumsikan jumlah populasi suseptibel adalah konstan. Dalam hal ini perhitungan matrik generasi mendatang (*next generation matrix*) dapat dilakukan dengan FV^{-1} dimana entri dari matrik ini menyatakan nilai harapan infeksi

yang dihasilkan dalam kompartemen ke i oleh kompartemen ke j .

Matrik generasi mendatang mempunyai nilai eigen positif dengan modulus paling kurang sama dengan modulus nilai eigen yang lain. Dengan dasar ini nilai eigen positif ini dapat menjadi kandidat untuk bilangan reproduksi dasar R_0 (Driessche, 2002). Berdasarkan sifat matrik V dan F , matrik generasi mendatang selalu merupakan matrik nonnegatif. Karena matrik generasi mendatang selalu merupakan matrik nonnegatif, maka teori matrik menjamin eksistensi nilai eigen positif pada matrik generasi mendatang.

Dalam model-model epidemi berdasarkan definisi penyakit menular bilangan reproduksi dasar R_0 , yaitu jumlah infeksi yang muncul setelah satu infeksi awal pada populasi suseptibel, maka bilangan ini digunakan sebagai parameter ambang untuk menentukan kondisi kapan suatu penyakit akan mewabah (Supriatna, 2009). Berdasarkan pendapat ini, bilangan reproduksi dasar dipandang penting dalam kajian dinamika penyakit menular. Misalnya penelitian bilangan reproduksi dasar transmisi penyakit DBD di daerah Bandung telah dilakukan oleh Supriatna (2009).

Telah diketahui bahwa dalam model kompartemen, semakin banyak kompartemen yang terlibat semakin sulit menentukan R_0 . Hal ini, berkaitan dengan semakin besarnya ukuran matrik yang merepresentasikan sistem (Caswell, 2001). Dari kajian ini dapat dikemukakan bahwa perhitungan nilai eigen maksimum dari matrik generasi mendatang FV^{-1} membutuhkan komputasi semakin besar.

De-Camino-Beck T dan Lewis MA (2007) telah mempublikasikan tulisan tentang penggunaan reduksi graf dalam perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 untuk model waktu diskrit. Selanjutnya, pada tahun 2008 oleh penulis yang sama juga dipublikasikan tulisan tentang penggunaan reduksi graf berarah untuk

perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 untuk model waktu kontinu. Penggunaan metode reduksi berarah menghindari komputasi matrik berukuran besar, sehingga lebih efisien secara komputasi.

Untuk model waktu diskrit dan kontinu, R_0 dapat dihitung sebagai radius spektral dari Matrik Generasi Mendatang. Perhitungan ini melibatkan beberapa operasi matrik yang mungkin sulit jika jumlah kompartemen dalam model semakin banyak. Sebagai alternatif, telah digunakan metode reduksi graf berarah pada model diskrit untuk perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 (Beck, 2007 dan Efendi, 2012) Pada tulisan ini dikaji perbandingan kedua metode perhitungan untuk model waktu kontinu dengan mengambil kasus model vector-host.

METODE PENELITIAN

Penelitian yang dilakukan tergolong dalam penelitian teoritis matematis berkaitan dengan Epidemiologi. Penelitian dimulai dengan penelusuran literatur tentang bilangan reproduksi dasar, model kompartemen, matrik generasi mendatang, dan model vector-host. Selanjutnya dipilih dua metode perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 , yaitu metode matrik generasi mendatang dan metode reduksi graf berarah. Kedua metode diterapkan pada model kompartemen dengan waktu kontinu. Untuk itu secara spesifik diambil contoh ilustrasi model vector-host. Selanjutnya dibandingkan kelebihan dan kekurangan kedua metode perhitungan dengan memperhatikan metode perhitungan yang digunakan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan definisi bilangan reproduksi dasar, dapat dilakukan perhitungan dengan mengasumsikan pada keadaan awal ada satu individu dan selanjutnya dihitung banyak individu baru yang dihasilkan oleh individu awal sepanjang hidup individu ini. Formula untuk penentuan bilangan reproduksi dasar untuk

model transmisi penyakit menggunakan sistem persamaan diferensial analog dengan laju reproduksi murni untuk model populasi berstruktur umur seperti yang ada pada model waktu diskrit. Model transmisi penyakit berbentuk sistem persamaan diferensial diasumsikan mempunyai titik kesetimbangan bebas penyakit (*disease free equilibrium*) (DFE) dimana semua variabel terinfeksi adalah nol. Titik DFE diasumsikan stabil.

1. Asumsi-Asumsi Model Kompartemen Waktu Kontinyu

Pandang model kompartemen yang melibatkan sistem persamaan diferensial. Asumsikan pada model tersebut, populasi heterogen dimana individu dibedakan oleh umur, perilaku, posisi spasial penyakit dan dapat dikelompokkan kedalam n homogen kompartemen [6]. Misalkan:

$$x = (x_1, x_2, \dots, x_n)^t$$

dimana $x_i \geq 0$, untuk setiap i , merupakan jumlah individu dalam tiap kompartemen. Selanjutnya, bedakan kompartemen terinfeksi dengan kompartemen yang tidak terinfeksi, sesuai dengan interpretasi epidemiologis. Bilangan reproduksi dasar tidak dapat ditentukan dari hanya struktur model matematika saja. Tetapi sangat tergantung pada definisi kompartemen terinfeksi dan kompartemen tidak terinfeksi. Misalkan X_s himpunan semua individu bebas penyakit, yaitu :

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

Untuk menghitung bilangan reproduksi dasar, perlu dibedakan infeksi-infeksi baru dari semua perubahan lain dalam populasi [6]. Misalkan fungsi $F_i(x)$ merupakan laju kemunculan infeksi baru dalam kompartemen i . Diasumsikan pula bahwa semua $F_i(x)$ adalah fungsi kontinyu dan terdiferensialkan. Misalkan $V_i^+(x)$ menunjukkan laju transmisi individu-individu kedalam kompartemen i , dan

$V_i^-(x)$ menunjukkan laju transmisi individu-individu keluar kompartemen i .

Diasumsikan pula tiap fungsi transmisi merupakan fungsi kontinyu dan terdiferensialkan. Selanjutnya, model transmisi penyakit memuat kondisi awal non negatif dan sistem persamaan diferensial berikut:

$$\dot{x}_i = f_i(x) = F_i(x) - V_i(x)$$

dimana:

$$V_i(x) = V_i^-(x) - V_i^+(x)$$

Karena tiap fungsi menyatakan laju transfer langsung tiap individu, maka tiap fungsi bersifat non negatif. Selengkapnya, ada lima asumsi yang dilekatkan pada fungsi transfer diatas. Pertama, kenonnegatifan fungsi transfer, yaitu jika $x \geq 0$, maka:

$$F_i(x), V_i^-(x), V_i^+(x) \geq 0$$

Kedua, jika kompartemen kosong maka tidak terjadi transfer individu keluar dari kompartemen oleh kematian, infeksi atau oleh karena sebab lain. Dalam hal ini, jika $x_i = 0$, maka $V_i^-(x) = 0$. Ketiga, kejadian infeksi bagi kompartemen tidak terinfeksi dianggap nol, yaitu jika $i > m$, maka $F_i(x) = 0$.

Keempat, agar ruang bebas penyakit adalah invarian, maka dapat diasumsikan bahwa jika populasi bebas dari penyakit, maka populasi akan tetap bebas dari penyakit, yaitu tidak ada imigrasi dari individu terinfeksi. Dari asumsi ini dapat dinyatakan bahwa:

“jika $x \in X_s$, maka $F_i(x) = 0$ dan $V_i^+(x) = 0$ untuk $i = 1, \dots, m$ ”.

Selanjutnya, untuk asumsi kelima, pandang populasi disekitar DFE. Jika populasi berada dekat DFE, maka populasi akan kembali ke DFE berdasarkan persamaan pelinearan sistem:

$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0)$$

dimana: $Df(x_0)$ adalah turunan $[df_i/dx_j]$ dihitung di DFE.

Untuk perhitungan bilangan reproduksi dasar, dapat diperhatikan sistem dimana titik DFE stabil dalam hal tidak ada infeksi baru. Oleh karena itu, asumsi kelima dapat dinyatakan sebagai berikut: jika $F(x) = 0$, maka semua nilai eigen dari $Df(x_0)$ mempunyai bagian riil negatif, sehingga titik DFE stabil.

Dengan kelima asumsi diatas, selanjutnya pandang sistem persamaan diferensial untuk variabel terinfeksi dilinearakan disekitar DFE, dan tulis matrik koefisien sebagai matrik tereduksi $F - V$, dimana F memuat suku-suku baru terinfeksi dan V memuat suku-suku yang merepre-sentasikan perpindahan antar kompartemen. Jadi F matrik positif dan V matrik M nonsingular, yaitu matrik yang mempunyai nilai eigen dengan bagian riil positif dan entri-entri diluar diagonal utama adalah nonpositif. Matrik M dapat dinyatakan sebagai $\alpha I - P$ untuk suatu matrik P dan bilangan riil α .

Oleh karena itu matrik generasi mendatang FV^{-1} positif. Dari perhitungan matrik generasi mendatang, bilangan reproduksi dasar R_0 didefinisikan sebagai $R_0 = \rho(FV^{-1})$, dimana ρ menyatakan radius spektral. Titik DFE stabil asimtotis jika $R_0 < 1$, dan tidak stabil jika $R_0 > 1$. Hasil berikut digunakan untuk penghitungan R_0 [3].

Teorema 1 Misal F matrik non negatif tak nol dan V matrik M nonsingular sedemikian sehingga $F - V$ tereduksi. Maka $R_0 = \rho(FV^{-1}) > 0$ dan R_0 adalah invers perkalian dari akar positif terkecil x dari persamaan polinomial $\det(Fx - V) = 0$.

Bukti: Dari asumsi, FV^{-1} adalah nonnegatif tak nol, dan submatrik principal berkaitan dengan baris tak nol dari F adalah tereduksi. Jadi $\lambda = \rho(FV^{-1}) > 0$ akar positif terbesar dari polinomial $\det(\lambda I - FV^{-1}) = 0$. Karena V non singular dan $\lambda > 0$, persamaan polinomial ekui-valen dengan

$\det(F\lambda^{-1} - V) = 0$ (dimana $V - F\lambda^{-1}$ matrik M singular) dan λ^{-1} akar positif terkecil. Dari definisi $R_0 = \rho(FV^{-1})$, teorema terbukti.

2. Ekuivalensi Reduksi Graf Berarah dan Eliminasi Gauss

Untuk menggunakan Teorema 1 dalam reduksi graf berarah dan untuk menghitung R_0 , perlu diperhatikan Eliminasi Gauss menggunakan reduksi baris. Misal A matrik M singular tidak tereduksi $n \times n$. Maka tiap submatrik prinsipal adalah M matrik nonsingular, dan, khususnya, tiap entri diagonal utama matrik A adalah positif.

Dengan melakukan eliminasi Gauss secara berurutan yaitu mereduksi kolom ke- j ($j = 1, \dots, n-1$) agar entri (j, j) sama dengan 1 dan entri (i, j) sama dengan nol untuk $i > j$. Pada tiap langkah setiap entri diagonal selalu positif, sedangkan pada langkah reduksi terakhir, entri (n, n) adalah nol karena A singular. Dengan $\lambda = \rho(FV^{-1})$, misalkan $-A = F\lambda^{-1} - V$ negatif dari matrik M tidak tereduksi, maka tidak ada pembagi dengan nol muncul dalam melakukan eliminasi Gauss pada $F\lambda^{-1} - V$, dan pada tiap langkah, selain langkah terakhir, setiap entri diagonal adalah negatif.

Dengan kesamaan permutasi, tidak ada masalah dalam pemilihan urutan kolom. Karena persamaan $\det(F\lambda^{-1} - V) = 0$ memberikan polinomial yang sama dalam λ dengan polinomial $\det(E(F\lambda^{-1} - V)) = 0$ dimana E hasil kali matrik elementer, Eliminasi Gauss diatas menghasilkan persamaan polinomial yang memberikan formula R_0 pada Teorema 1. Operasi baris seperti itu berkaitan dengan reduksi graf berarah pada $F\lambda^{-1} - V$.

Untuk matrik $A = (a_{ij})$ berukuran $n \times n$, ada graf berarah $D(A)$ dengan titik $1, 2, \dots, n$ dan sisi berarah $j \rightarrow i$ jika hanya jika $a_{ij} \neq 0$ untuk $i, j = 1, 2, \dots, n$. Bobot sisi adalah a_{ij} , dan $D(A)$ mempunyai loop pada titik i dengan bobot a_{ii} jika $a_{ii} \neq 0$. Perhatikan bahwa A mendeskripsikan secara lengkap $D(A)$ dan begitu juga sebaliknya. Hubungan suatu graf berarah

dengan matrik koefisien dari sistem persamaan banyak ditemukan pada literatur untuk deskripsi lengkap dan referensi lanjut. Untuk \mathbf{A} yang diberikan, graf berarah $D(\mathbf{A})$ yang dideskripsikan diatas adalah *graf berarah Coates* dari \mathbf{A} . Perhatikan bahwa, diberikan $D(\mathbf{A})$, matrik \mathbf{A} adalah transpos dari matrik adjasensi berbobot. Aturan reduksi graf berarah pada graf berarah Coates \mathbf{A} diberikan sebagai berikut. Titik dengan bobot -1 disebut titik *trivial*.

3. Reduksi Graf Berarah yang Berkaitan Dengan Matrik $\mathbf{F}\lambda^{-1} - \mathbf{V}$

Beck, Lewis dan Driesche menuliskan dua aturan dalam perhitungan R_o untuk model waktu kontinu berupa model dalam sistem persamaan diferensial. Aturan tersebut adalah :

Aturan 1 (Buat titik trivial) *Untuk mereduksi loop $-a_{ii} < 0$ menjadi -1 pada titik i , setiap sisi menuju i bobotnya dibagi dengan a_{ii} (Gbr. 1a). Perhatikan bahwa mungkin ada loop pada j dalam Gbr. 1a, dan setelah reduksi titik i mempunyai loop dengan bobot -1 . Operasi ini ekuivalen dengan membagi baris i dari $\det(\mathbf{F}\lambda^{-1} - \mathbf{V})$ dengan $a_{ii} > 0$, yang mengalikan nilai determinan dengan $1/a_{ii}$.*

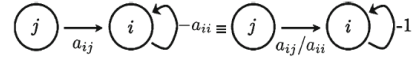
Aturan 2 (Eliminasi sisi yang melalui titik trivial) *Untuk titik trivial i pada lintasan $j \rightarrow i \rightarrow k$, kedua sisi diganti dengan $j \rightarrow k$ dengan bobot sama dengan hasil kali bobot pada sisi $j \rightarrow i$ dan $i \rightarrow k$. Bobot pada sisi $j \rightarrow k$ dijumlahkan. Jika tidak ada lagi lintasan melalui titik trivial i , maka dapat diabaikan. Lihat Gbr. 1b, dimana titik i tidak diperlihatkan pada graf berarah ke tiga.*

Aturan tersebut sebenarnya ekuivalen dengan operasi eliminasi gauss elementer Dalam hal ini jika j sama dengan k , maka bobot ditambahkan ke loop ekuivalen dengan eliminasi gauss yaitu menambahkan a_{ki} kali baris i ke baris k , sehingga mereduksi entri (k, i) menjadi 0.

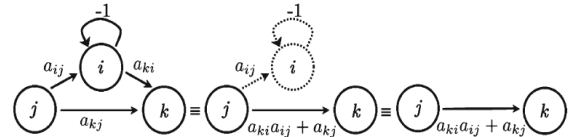
Operasi ini tentu saja tidak merubah determinan matrik yang akan ditentukan.

Kedua aturan diatas diilustrasikan sebagai berikut:

1. Membuat titik trivial



2. Eliminasi sisi yang melewati titik trivial



Gambar 1. Aturan Reduksi Graf

Kedua aturan tersebut adalah hasil pengembangan dari aturan mason untuk graf berarah. Pada tahun 1960, Mason telah mengembangkan aturan reduksi dalam sistem rangkain eletronik (Mason, 1960).

4. Algoritma Perhitungan R_o Dari Graf Berarah Yang Berkaitan Dengan $\mathbf{F}\lambda^{-1} - \mathbf{V}$

Dengan menggunakan Teorema 1 dan dua aturan reduksi graf berarah, berikut diberikan metode komputasi simbolik untuk menghitung R_o . Untuk sistem dinamik terhubung, pandang matrik $\mathbf{F}\lambda^{-1} - \mathbf{V}$. Jika matrik $\mathbf{F}\lambda^{-1} - \mathbf{V}$ tereduksi, maka gambar graf berarah dengan sisi $j \rightarrow i$ jika hanya jika entri (i, j) pada matrik tidak nol. Jika $j = i$ dan entri (i, i) adalah -1 , maka i disebut titik trivial.

- a. Dalam graf berarah pilih titik i dengan suatu loop
- b. Gunakan aturan 1 untuk menjadikan titik i trivial
- c. Hitung semua lintasan yang menuju titik i menggunakan aturan 2. Titik i kemudian dapat diabaikan
- d. Lanjutkan langkah 1, 2, 3 sampai diperoleh satu titik
- e. Misalkan bobot loop ini sama dengan nol untuk mendapatkan polinomial dalam λ . Kemudian gunakan Teorema 1, R_o adalah invers perkalian dari akar positif terkecil persamaan ini

5. Penghitungan Bilangan Reproduksi Dasar Model Vector-Host

Ada tiga asumsi dasar dalam model Vector-Host. Pertama, host suseptibel dapat terinfeksi dengan dua kemungkinan transmisi yaitu transmisi langsung melalui kontak dengan individu terinfeksi, sebagai hasil (misalnya) transfusi darah atau melalui gigitan vektor terinfeksi. Kedua, disumsikan bahwa total populasi host adalah konstan, yaitu laju kelahiran dan kematian alami perkapita adalah sama. Ketiga, total populasi vektor adalah konstan, sehingga laju kontak antara vektor dan host dapat diasumsikan konstan.

Model vector-host selanjutnya diberikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial berikut (Cai, 2010 dan Kong, 2011) :

$$\begin{aligned}\frac{dI}{dt} &= \beta_s SV - (b + \gamma)I \\ \frac{dV}{dt} &= \beta_m MI - cV \\ \frac{dS}{dt} &= b - bS + \gamma I - \beta_s SV \\ \frac{dM}{dt} &= c - cM - \beta_m MI\end{aligned}$$

dimana kompartemen berkaitan dengan proporsi host terinfeksi (I), vektor terinfeksi (V), host suseptibel (S), dan vektor suseptibel (M). Untuk host, $b > 0$ adalah laju kelahiran dan kematian konstan, γ laju rekoveri konstan; untuk vektor, $c > 0$ adalah laju kelahiran dan kematian konstan. Inveksi silang mempunyai koefisien transmisi penyakit β_s , β_m . Titik keseimbangan bebas penyakit (DFE) adalah $(0, 0, 1, 1)^T$.

Pandang sistem persamaan diferensial untuk variabel terinfeksi dilinearkan disekitar DFE,

$$\begin{aligned}\frac{dI}{dt} &= \beta_s SV - (b + \gamma)I \\ \frac{dV}{dt} &= \beta_m MI - cV\end{aligned}$$

Matrik jacobian untuk variabel terinfeksi adalah:

$$\begin{pmatrix} -(b + \gamma) & \beta_s S \\ \beta_m M & -c \end{pmatrix}$$

Sehingga untuk (DFE) $(0, 0, 1, 1)^T$, matrik jacobian untuk variabel terinfeksi menjadi:

$$\begin{pmatrix} -(b + \gamma) & \beta_s \\ \beta_m & -c \end{pmatrix}$$

Misalkan F memuat suku-suku baru terinfeksi dan V memuat suku-suku yang merepresentasikan perpindahan antar kompartemen (transmisi), maka matrik jacobian dapat ditulis sebagai matrik $F - V$, dengan:

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_s \\ \beta_m & 0 \end{pmatrix}, V = \begin{pmatrix} b + \gamma & 0 \\ 0 & c \end{pmatrix}$$

Jelas bahwa F adalah matrik non negatif, dan V adalah matrik M-nonsingulir.

Selanjutnya matrik generasi mendatang FV^{-1} dapat dihitung sebagai berikut:

$$\begin{aligned}FV^{-1} &= \begin{pmatrix} 0 & \beta_s \\ \beta_m & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -\frac{1}{b + \gamma} & 0 \\ 0 & -\frac{1}{c} \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} 0 & -\frac{\beta_s}{c} \\ -\frac{\beta_m}{b + \gamma} & 0 \end{pmatrix}\end{aligned}$$

Dengan memperhatikan persamaan normal $|\lambda I - FV^{-1}| = 0$, dimana I adalah matrik satuan, maka diperoleh:

$$\begin{vmatrix} \lambda & \frac{\beta_s}{c} \\ \frac{\beta_m}{b + \gamma} & \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Sehingga didapatkan persamaan karakteristik :

$$\lambda^2 - \frac{\beta_s \beta_m}{c(b + \gamma)} = 0$$

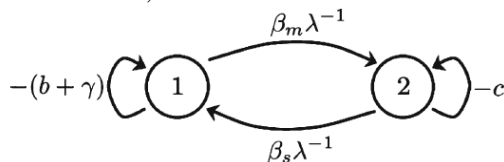
Akibatnya:

$$Ro = \rho(FV^{-1}) = \sqrt{\frac{\beta_s \beta_m}{c(b + \gamma)}}$$

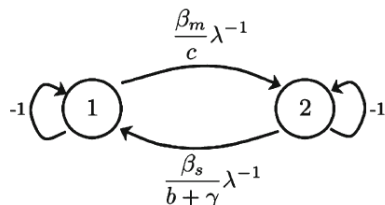
Selanjutnya digunakan metode reduksi graf berarah sebagai representasi dari matrik generasi mendatang untuk penghitungan bilangan reproduksi dasar.

6. Penghitungan R_o Dengan Metode Reduksi Graf Berarah

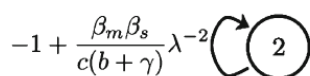
Perhatikan Gbr 2. dimana titik 1 dan 2 menyatakan kompartemen I dan V . Gbr 2. merupakan representasi graf berarah dari matrik $F\lambda^{-1} - V$. Pada Gbr 2 diperlihatkan prosedur memperoleh R_o menggunakan reduksi graf. Dengan algoritma penghitungan bilangan reproduksi dasar, Gbr. 2b diperoleh dari Gbr. 2a setelah memilih titik 1 dan 2 serta menerapkan Aturan 1. Kemudian terapkan Aturan 2, sehingga dihasilkan graf berarah pada Gbr. 2c, dimana titik 1 bisa diabaikan.



(a) Graf berarah ($F\lambda^{-1} - V$)



(b) Menghasilkan titik trivial menggunakan Aturan 1



(c) Menggunakan Aturan 2

Gambar. 2 Prosedur reduksi graf pada model vector-host.

Selanjutnya, terapkan langkah terakhir dari algoritma dan selesaikan persamaan kuadrat sehingga diperoleh:

$$Ro = \sqrt{\frac{\beta_s \beta_m}{c(b + \gamma)}}$$

Nilai ini menunjukkan hasil yang sama yang diperoleh dengan perhitungan menggunakan nilai eigen maksimum dari matrik generasi mendatang.

KESIMPULAN

Pada bagian pembahasan telah dilakukan penghitungan bilangan reproduksi dasar R_o untuk model epidemi waktu kontinyu, sebagai contoh diterapkan pada model vector-host. Penghitungan dilakukan dengan dua metode yaitu metode matrik generasi mendatang dan metode reduksi graf berarah. Pada metode matrik generasi mendatang, perhitungan yang dilakukan melibatkan penghitungan invers matrik, perkalian matrik, determinan matrik dan nilai eigen matrik generasi mendatang.

Untuk matrik berukuran besar yang muncul pada model dengan banyak kompartemen, perhitungan dengan menggunakan metode matrik generasi mendatang melibatkan beberapa komputasi matrik, seperti invers, determinan dan nilai eigen. Jadi penggunaan matrik generasi mendatang kurang efisien secara komputasi.

Pada metode reduksi graf berarah perhitungan hanya dapat diterapkan pada model kompartemen yang memiliki titik keseimbangan bebas penyakit DFE. Metode ini ekuivalen dengan reduksi baris pada eliminasi gauss yang menghasilkan persamaan polinomial yang memberikan formula untuk penghitungan bilangan reproduksi dasar sebagai akar polinomial tersebut.

Karena metode reduksi graf berarah menghindari penghitungan langsung invers,

determinan, dan nilai eigen matrik generasi mendatang, maka metode ini cukup praktis untuk sistem yang besar dan merupakan alternatif yang bagus untuk metode perhitungan langsung.

DAFTAR PUSTAKA

- de-Camino-Beck T., Lewis, M.A. (2007). **A new method for calculating net reproductive rate from graph reduction with application to the control of invasive species.** Bull. Math. Biol. 69(4):1341–1354
- de-Camino-Beck T, Lewis M.A. (2008) **On net reproductive rate and the timing of reproductive output.** Am. Nat. 172(1):128–139
- de-Camino-Beck T., Lewis, M.A. (2008), **A graphtheoretic method for the basic reproduction number in continuous time epidemiological models.** J. Math. Biol.
- Caswell, H. (2001). **Matrix population models: construction, analysis, and interpretation.** 2nd edn. Sinauer Associates, USA
- Coates, C. (1959). **Flowgraph solutions of linear equations.** IRE trans. Circuit Theory CT-6, 170–187
- Cai, L. , Li, X. (2010). **Analysis of a Simple Vector-Host Epidemic Model with Direct Transmission.** Hindawi, Discrete Dyn. Nat. and Soc.
- Driessche, V.D., Watmough, J. (2002). **Reproduction numbers and sub threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission.** Math. Biosci. 180:29–48
- Efendi. (2012). **Keunggulan perhitungan basic reproduction ratio dalam melakukan analisis kestabilan pada model proyeksi populasi berstruktur stage.** Eksakta, Vol. 1: 9-17
- Heesterbeek, J. (2002). **A brief history of R_0 and a recipe for its calculation.** Acta Biotheoretica 50:189–204
- Kong, Q., Qiu Z., Sang, Z., Zou, Y. (2011). **Optimal control of a vector-host epidemics model.** Math. control and related fields, vol. 1, no. 4 : 493-508
- Lewis, M., Renclawowicz, J., Driessche, P. (2006a). **Traveling waves and spread rates for a West Nile virus model.** Bull. Math. Biol. 68:3–23
- Li, C., Schneider, H. (2002). **Applications of Perron–Frobenius theory to population dynamics.** J. Math. Biol. 44(5):450–462
- Mason, S., Zimmermann, H. (1960). **Electronic circuits, signals, and systems.** Wiley, New York
- Supriatna, A.K. (2009). **Estimating the basic reproduction number of dengue transmission during 2002-2007 outbreaks in Bandung, Indonesia.** Dengue Bulletin Vol.33