

Renita Wulan Sari, 2015, **Analisis Model Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue dengan Pendekatan Model Host-Vektor dan Model SIR**. Skripsi ini dibawah bimbingan Dr. Fatmawati, M.Si dan Dr. Windarto, M.Si, Departemen Matematika, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Airlangga, Surabaya.

ABSTRAK

Demam Berdarah Dengue (DBD) adalah salah satu penyakit menular yang banyak terjadi di daerah tropis dan subtropis. Penyakit ini disebabkan oleh virus dengue yang ditransmisikan ke manusia melalui gigitan nyamuk *Aedes Aegypti* betina. Dibandingkan dengan penyakit lain dan dampak yang ditimbulkan, DBD memberikan beban yang sangat besar pada populasi manusia, sistem kesehatan dan ekonomi pada kebanyakan negara tropis di dunia. Penelitian mengenai penyakit DBD telah banyak dilakukan dalam berbagai bidang keilmuan, termasuk bidang matematika yaitu dengan menggunakan model matematika. Dengan model matematika dinamika penyebaran penyakit DBD dapat diketahui dan dapat digunakan untuk memprediksi penyebarannya.

Skripsi ini membahas model matematika penyebaran penyakit DBD dengan dua pendekatan, yaitu dengan pendekatan model SIR dan pendekatan model host-vektor. Melalui pendekatan model SIR dilakukan estimasi parameter model. Estimasi parameter dilakukan berdasarkan data kumulatif kasus DBD perbulan di Jawa Timur dengan menggunakan algoritma genetika. Hasil estimasi parameter menunjukkan bahwa terjadi endemik penyakit DBD di Jawa Timur. Hal ini terlihat dari semakin meningkatnya populasi manusia yang terinfeksi DBD seiring bertambahnya waktu. Dari model host-vektor dilakukan analisis titik setimbang model penyebaran penyakit DBD, dan diperoleh dua titik setimbang yaitu titik setimbang non endemik dan titik setimbang endemik. Selain itu diperoleh besaran reproduksi dasar penyebaran DBD R_0 yang mempengaruhi eksistensi dan kestabilan titik setimbang model. Dari hasil simulasi numerik pada model host-vektor dengan menggunakan nilai parameter hasil estimasi parameter pada model SIR, diketahui bahwa terjadi endemik DBD. Hal ini diketahui dari hasil simulasi yang menunjukkan bahwa populasi manusia terinfeksi semakin meningkat, kemudian konstan pada nilai tertentu dalam waktu tak terbatas.

Kata Kunci : Model matematika, Demam Berdarah Dengue, kestabilan, algoritma genetika.

Renita Wulan Sari, 2015, **Analysis of the spread of dengue disease models with vektor-host models and SIR models approaces** . This final project is under advised by Dr.Fatmawati, M.Si and Dr.Windarto, M.Si, Mathematics Departement, Science and Technology Faculty, Airlangga University, Surabaya.

ABSTRACT

Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) is one of the infectious diseases which are prevalent in tropical and subtropical regions. The disease is caused by dengue virus that transmitted to humans by the bite of female *Aedes aegypti* mosquito. Compared with other diseases and impacts, dengue gift enormous burden on the human population, health, and economic systems in most tropical countries in the world. Research on dengue disease has been widely applied in many scientific fields, including mathematics by using a mathematical model. With a mathematical model, the dynamics of the spread of dengue disease is known and can be used to predict the spread.

This final project discusses mathematical model of the spread of dengue disease with two approaches, that are the SIR model and host - vector models approach. Through the SIR model approach were estimated the unknown parameters of the model. Parameter estimation is done based on the cumulative data of dengue cases per month in East Java by using a genetic algorithm. Parameter estimation results indicate that there is endemic dengue disease in East Java. This is evident from the increasing human population infected with dengue exponentiall. Base on the host - vector model we find two equilibrium, ie non-endemic equilibrium and the endemic equilibrium. Moreover, we obtaine the basic reproduction number R_0 that determine the the existence and the stability of equilibrium of the model. From the results of numerical simulation on the host - vector models using parameter estimation in the SIR models, we know that there is endemic dengue. It is known from the simulation results show that the human population infected is increasing, then constant at a certain value indefinitely.

Key Word : Mathematical Models, Dengue Hemorrhagic Fever, stability, genetic algorithm.