

BAB 5

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Bersumber pada bahasan yang telah dipaparkan pada bab sebelumnya, diperoleh simpulan sebagai berikut:

1. Model *SIR* dengan vaksinasi secara acak mempunyai dua titik kesetimbangan, yakni pada saat keadaan bebas penyakit yang dapat dilihat pada Persamaan (3.5), dan pada saat keadaan endemik yang dapat dilihat pada Persamaan (3.9).
2. Model *SVIR* dengan vaksinasi pada saat lahir mempunyai dua titik kesetimbangan, yakni pada saat keadaan bebas penyakit yang dapat dilihat pada Persamaan (3.28), dan pada saat keadaan endemik yang dapat dilihat pada Persamaan (3.34).
3. Hasil grafik pada simulasi numerik menunjukkan bahwa pada model *SIR* dengan vaksinasi secara acak untuk kondisi bebas penyakit dan kondisi endemik, sistem akan stabil asimtotik pada saat $t \rightarrow \infty$.
4. Hasil grafik pada simulasi numerik menunjukkan bahwa pada model *SVIR* dengan vaksinasi pada saat lahir untuk kondisi bebas penyakit dan kondisi endemik, sistem akan stabil asimtotik pada saat $t \rightarrow \infty$.
5. Hasil analisis sensitivitas untuk model *SIR* dengan vaksinasi secara acak pada kondisi bebas penyakit dan kondisi endemik, menyatakan bahwa parameter laju transmisi dari individu rentan menjadi individu terinfeksi (β) yang memiliki nilai positif terbesar cukup berpengaruh terhadap penambahan banyaknya individu terinfeksi, serta parameter tingkat efektifitas vaksin (p) yang memiliki nilai paling negatif cukup berpengaruh terhadap penurunan banyaknya individu terinfeksi.
6. Hasil analisis sensitivitas untuk model *SVIR* dengan vaksinasi pada saat lahir pada kondisi bebas penyakit dan kondisi endemik, menyatakan bahwa parameter laju transmisi dari individu rentan menjadi individu terinfeksi (β) yang memiliki nilai positif terbesar cukup berpengaruh terhadap penambahan banyaknya individu terinfeksi, dan parameter laju transmisi individu terinfeksi menjadi individu pulih (γ) yang mempunyai nilai paling negatif cukup berpengaruh terhadap penurunan banyaknya individu terinfeksi.

5.2 Saran

Untuk penelitian lanjutan, penulis memberikan saran untuk melakukan analisis sensitivitas model matematis sebaran penyakit dengan vaksinasi, dengan mendefinisikan penyakit yang lebih spesifik. Salah satu contohnya adalah penyakit hepatitis, karena pemberian vaksin untuk penyakit hepatitis dapat dilakukan secara acak atau pada saat lahir.

DAFTAR REFERENSI

- [1] Richard Dicker, D. K., Fatima Coronado dan Parrish, R. G. (2012) *Principles of Epidemiology in Public Health Practice*. U.S. Department of Health and Human Service, Atlanta.
- [2] Bush, A. O., Fernandez, J. C., Esch, G. W., dan Seed, J. R. (2001). *Parasitism: the diversity and ecology of animal parasites*. Cambridge university press.
- [3] Ndi, M. Z., dan Supriatna, A. K. (2017). Stochastic mathematical models in epidemiology. *Information*, **20**, 6185-6196.
- [4] DiPrima, R. C. dan Boyce, W. E. (2009) *Elementary Differential Equations and Boundary Problems*, 10th edition. Department of Mathematical Sciences, United States.
- [5] Olsder, G. dan der Woude, J. V. (2003) *Mathematical Systems Theory*, 2nd edition. Delf University Press, Netherlands.
- [6] Brauer, F., Castillo-Chavez, C., dan Feng, Z. (2019). *Mathematical models in epidemiology* (Vol. 32). New York: Springer.
- [7] Harianto, J. (2017) Local stability analysis of an svir epidemic model. *Cauchy*, **5(1)**, 20–28.
- [8] Chitnis, N., Hyman, J. M., dan Cushing, J. M. (2008). Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model. *Bulletin of mathematical biology*.
- [9] Malorung, F. Y., Blegur, M. A., Pangaribuan, R. M., dan Ndi, M. Z. (2018). Analisis Sensitivitas Model Matematika Penyebaran Penyakit dengan Vaksinasi. *Jurnal Matematika Integratif*, **14(1)**, 9-15.
- [10] Li, J. dan Ma, Z. (2009) *Dynamical Modeling and Analysis of Epidemics*. World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd., Singapore.
- [11] den Driessche, P. V. dan Watmough, J. (2002) Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, **180**, 29-48.