Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH *DENGUE* (DBD)

Sabaria [1*], Jufra[1], Asrul Sani[1], Arman[1]

[1)]*Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Halu Oleo*
Kampus Bumi Tridharma, Jalan HEA. Mokodompit, Anduonohu, Kendari 93232, Indonesia
[*]*E-mail korespondensi:* sabariaamelia@gmail.com

Sejarah Artikel:
Diterima: 1-04-2024
Direvisi: 15-04-2024
Diterima untuk dipublikasikan: 30-04-2024

Kata Kunci:
Demam Berdarah Dengue (DBD), Model SEITRS-SI, Kestabilan Titik Ekuilibrium, Bilangan Reproduksi Dasar

ABSTRAK

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan penyakit yang sering terjadi di negara Indonesia. Penyakit DBD disebabkan oleh virus dengue yang ditularkan melalui gigitan nyamuk aedes aegypti. Penyebaran penyakit demam berdarah ini dapat berkaitan dengan kondisi lingkungan, kepadatan penduduk, luas wilayah pemukiman serta perilaku dari masyarakat setempat. Pada penelitian ini dibahas mengenai model matematika penyebaran penyakit DBD dengan menggunakan model SEITRS-SI. Dari penelitian ini diperoleh dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Selanjutnya dilakukan analisis perilaku selesainnya dengan menggunakan nilai eigen dan sifat kestabilan di titik ekuilibrium, hasilnya diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit bersifat stabil asimtotik saat nilai $R_0 < 1$*, artinya penyakit DBD akan menghilang setelah jangka waktu tertentu. Sedangkan titik ekuilibrium endemik akan bersifat stabil spiral jika* $R_0 > 1$ *artinya penyakit akan menetap. Simulasi numerik model untuk penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) dilakukan sejalan dengan analisis perilaku model.*

Journal homepage: *https://jurnal.ichisultra.or.id/index.php/bakticendekia/index*
Journal e-mail: *jurnal.bakticendikia@gmail.com; wayan.somayasa@uho.ac.id*
Research Article · Open Access

1. PENDAHULUAN

Penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) merupakan salah satu penyakit infeksi yang disebabkan oleh virus *dengue* dan ditularkan ke tubuh manusia melalui gigitan nyamuk *aedes aegypti* [1]. Beberapa kasus yang terjadi pada tahun 2022 dilaporkan pada [1] bahwa ada 45.387 kasus di Indonesia, dimana jumlah kematian akibat DBD mencapai 432 kasus. Data yang dilaporkan oleh Dinas Kesehatan Kota Kendari, Sulawesi Tenggara mencatat sebanyak 184 warga yang terserang penyakit demam berdarah *dengue*. Wilayah yang tercatat memiliki kasus DBD tinggi terdapat pada wilayah Kecamatan Puuwatu dengan 40 kasus, disusul kecamatan Baruga 26 kasus yang dilaporkan oleh Puskesmas Lepo-lepo, dan kecamatan Kendari Barat yang dilaporkan terdapat 25 Kasus yang dirawat di Puskesmas Kemaraya [2].

Menurut [3] mekanisme penyebaran DBD dapat dijelaskan sebagai berikut. Bentuk penularan DBD yang terjadi di masyarakat diakibatkan oleh adanya gigitan nyamuk yang tertular virus *dengue.* Virus ini ditularkan dengan cara menggigit/menghisap darah orang yang sakit DBD atau tidak sakit DBD tetapi dalam darahnya telah terdapat virus *dengue.* Virus yang terhisap oleh nyamuk akan berkembang biak dan menyebar ke seluruh tubuh nyamuk termasuk kelenjar air liurnya. Bila nyamuk tersebut menggigit/ menghisap darah orang lain, virus itu akan berpindah bersama air liur nyamuk. Apabila orang yang ditulari tidak memiliki kekebalan yang baik maka akan terinfeksi penyakit DBD. Nyamuk yang di dalam tubuhnya mengandung virus *dengue*, seumur hidupnya dapat menularkan kepada orang lain.

Masa inkubasi (rentang waktu sejak digigit hingga timbul gejala) penyakit ini berlangsung selama dua minggu. Darah penderita sudah mengandung virus setelah 1-2 hari sebelum terserang demam. Virus berada dalam darah selama 5-8 hari dan saat itulah penderita berpotensi menjadi sumber penularan [4]. Maka dibutuhkan tindakan *preventive* (pencegahan) untuk meminimalkan kasus penyebaran DBD yang ada di suatu daerah, khususnya di kota Kendari.

Pemerintah kota Kendari mengarahkan masyarakat untuk menerapkan dan memaksimalkan tindakan 3m, yaitu mengubur, menguras dan menutup wadah atau media yang menjadi sarang perkembang biakan nyamuk, serta memakai lotion anti nyamuk. Adapun penyakit DBD dapat ditekan penyebarannya dengan pemberian obat herbal dengan memanfaatkan jus jambu biji merah yang dapat menurukan angka penyakit DBD. Jus jambu biji merah memiliki kandungan gizi yang tinggi. Menurut uji klinis, buah jambu biji sangat kaya akan vitamin C, vitamin A, dan mineral. Buah jambu biji dapat meningkatkan jumlah trombosit di dalam darah hingga mencapai 100.000 ml perkubik dan tanpa menimbulkan efek samping sehingga jambu biji cocok untuk di konsumsi bagi yang terkena penyakit demam berdarah *dengue* [5].

Salah satu pendekatan untuk menjelaskan solusi dari permasalahan yang terjadi dalam dunia nyata adalah memodelkan atau merumuskan permasalahan ke dalam bahasa matematika [6]. Model matematika dibuat berdasarkan asumsi-asumsi. Model matematika yang telah dibentuk akan dianalisis, agar model yang dibuat dapat mewakili permasalahan yang dibahas. Banyak permasalahan yang timbul dari berbagai bidang yang dapat dibuatkan model matematikanya. Salah satunya adalah model matematika penyakit DBD [7].

Penelitian terhadap penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* (DBD) merupakan salah satu cara untuk melakukan pencegahan dan pengendalian penyakit. Penelitian penyebaran DBD sudah pernah dilakukan sebelumnya yaitu penelitian yang dilakukan oleh [8] dengan judul Analisis Model Matematika Penyebaran Demam Berdarah *Dengue* dengan Fungsi Lypunov. Ada juga penelitian yang dilakukan oleh [9] dengan judul Analisis Stabilitas Model SIR pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue di Provinsi Maluku.

Perbedaan penelitian ini dengan penelitian yang telah dilakukan oleh peneliti sebelumnya yaitu pada model dan asumsi yang diberikan. Dengan memodifikasi model dan menggunakan asumsi yang

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

berbeda maka penulis tertarik untuk mengkaji model SEITR-SI pada penyebaran penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD). Pada makalah ini akan dilaporkan hasil penelitian model SEITR-SI penyebaran DBD, khususnya kajian tentang sifat kesetimbangan dari model tersebut baik secara analitik maulun dengan simulasi numerik.

Makalah disusun dengan sistematika sebagai berikut. Pada bagian 2 dibahas definisi model matematika SEITR-SI untuk penyebaran penyakit DBD. Selanjutnya pada bagian 3 di presentasikan hasil perhitungan tentang titik kesetimbangan atau titik ekuilibrium model SEITR-SI. Pada bagian 4 disajikan hasil komputasi numerik untuk menggambarkan perilaku titik kesetimbangan yang diperoleh. Kesimpulan dan saran diberikan pada bagian 5.

2. MODEL SEITR-SI

Asumsi-asumsi yang mendasari dalam pengkonstruksian model matematika penyebaran penyakit DBD adalah sebagai berikut:

a. Populasi dibedakan menjadi tujuh kelas yaitu *Susceptible* (S) yaitu individu yang sehat atau rentan terinfeksi penyakit, dimana kelas ini terbagi menjadi dua subpopulasi yaitu individu rentan terinfeksi virus (S_m) dan nyamuk yang sehat atau rentan terinfeksi virus (S_v), *Exposed* (E) yaitu individu yang tertular penyakit tapi belum menunjukkan tanda-tanda mengidap penyakit dan belum dapat menularkan penyakit, *Infected* (I) yaitu individu yang terinfeksi dan dapat menularkan penyakit, di kelas ini juga terbagi menjadi dua subpopulasi yaitu individu yang terinfeksi virus (I_m) dan nyamuk yang terinfeksi virus (I_v), *Treatment* (T_m) yaitu individu yang melakukan pengobatan, dan *Recovered* (R_m) yaitu individu yang telah sembuh dari penyakit.

b. Populasi diasumsikan tertutup, artinya tidak ada individu yang masuk kedalam populasi atau keluar dari populasi (tidak ada migrasi).

c. Terdapat masa inkubasi (periode laten) pada proses penularan penyakit DBD.

d. Individu yang berada dalam periode laten dapat sembuh tanpa terinfeksi.

e. Nyamuk yang rentan dapat terinfeksi jika berinteraksi dengan manusia yang sudah terinfeksi.

f. Manusia tidak menyebar virus *dengue* satu sama lain.

g. Individu yang terinfeksi dapat sembuh secara alami tanpa diberi *treatment* dan ada juga yang membutuhkan *treatment*.

h. Pengobatan dilakukan pada individu yang terinfeksi.

i. Individu yang diobati akan menjadi individu yang sembuh dari penyakit DBD.

j. Individu yang telah sembuh akan kembali menjadi individu rentan.

Dari hubungan penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* dan dengan memperhatikan asumsi -asumsi yang mendasari proses penyebaran penyakit DBD, maka model yang akan digunakan dalam penelitian ini adalah model SEITRS-SI yang didefinisikan sebagai berikut.

$$\frac{dS_m}{dt} = A - \frac{\beta_1 S_m I_v}{N} - \mu_1 S_m + \omega R_m$$
$$\frac{dE_m}{dt} = \frac{\beta_1 S_m I_v}{N} - (\alpha + \theta + \mu_1) E_m$$
$$\frac{dI_m}{dt} = \alpha E_m - (\gamma + \sigma + \mu_1) I_m$$
$$\frac{dT_m}{dt} = \gamma I_m - \delta T_m - \mu_1 T_m$$

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

$$\frac{dR_m}{dt} = \theta E_m + \sigma I_m + \delta T_m - \mu_1 R_m - \omega R_m$$
$$\frac{dS_v}{dt} = B - \frac{\beta_2 S_v I_m}{N} - \mu_2 S_v$$
$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{\beta_2 S_v I_m}{N} - \mu_2 I_v$$

Makna dari funggsi-fungsi serta variabel-variabel yang digunakan dalam menyusun model SEITRS-SI pada penyebaran penyakit DBD dijelaskan pada Tabel 1.1.

Tabel 2.1 Daftar fungsi dan variable yang menyusun model SETR-SI

Variabel	Definisi	Satuan
$S_m(t)$	Banyaknya individu yang sehat atau rentan terinfeksi virus pada saat t	Individu
$E_m(t)$	Banyaknya individu yang memiliki gejala penyakit Demam Berdarah Dengue pada saat t	Individu
$I_m(t)$	Jumlah individu yang terinfeksi penyakit Demam Berdarah Dengue pada saat t	Individu
$T_m(t)$	Banyaknya individu yang melakukan *treatment* pada saat t	Individu
$R_m(t)$	Jumlah individu yang telah sembuh dari penyakit DBDpada waktu ke t	Individu
$S_v(t)$	Jumlah nyamuk yang sehat atau rentan terinfeksi virus pada saat t	Individu
$I_v(t)$	Jumlah nyamuk yang terinfeksi virus *dengue* pada saat t	Individu

Adapun makna parameter-parameter yang digunakan dalam model SEITRS-SI pada penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* dijelaskan secara ringkas pada Tabel 2.2.

Tabel 2.2. Daftar parameter-parameter model SEITR-SI

Parameter	Definisi	Satuan
B	Laju kelahiran pada nyamuk	individu perhari
μ_1	Laju kematian alami manusia	perhari
μ_2	Laju kematian alami nyamuk	perhari
β_1	Laju penularan penyakit dari manusia yang terinfeksi ke nyamuk rentan	perindividu perhari
β_2	Laju penularan penyakit dari nyamuk terinfeksi ke manusia yang rentan	perindividu perhari
A	Laju kelahiran pada manusia	individu perhari
α	Laju individu rentan menjadi individu laten setelah berinteraksi dengan nyamuk yang terinfeksi	perhari
γ	Laju individu yang melakukan pengobatan	perhari
δ	Laju kesembuhan tiap individu tanpa pengobatan	perhari
σ	Laju kesembuhan tiap individu dengan pengobatan	perhari
θ	Laju individu laten menjadi individu sembuh	perhari
ω	Laju hilangnya kekebalan tubuh pada manusia setelah sembuh	perhari
N	Total populasi	individu

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

3. ANALISIS KSTABILAN MODEL

Model SEITR-SI penyebaran penyakit DBD merupakan sistem persamaan diferensial nonlinear yang memiliki dua titik kesetimbangan (ekuilibrium), yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Titik ekuilibrium bebas penyakit adalah titik ekuilibrium pada saat tidak ada

penyakit dalam populasi. Ini berarti titik ekuilibrium bebas penyakit tercapai jika kondisi berikut tercapai, yaitu

$$E_m = I_m = T_m = I_v = 0.$$

Dengan mensubstitusikan kondisi $I_v = 0$ ke dalam sistem persamaan diferensial model SEITR-SI, maka diperoleh system persamaan berikut:

$$A - \frac{\beta_1 S_m I_v}{N} - \mu_1 S_m + \omega R_m = 0$$
$$A - \frac{\beta_1 S_m (0)}{N} - \mu_1 S_m + \omega(0) = 0$$
$$\mu_1 S_m = A$$
$$S_m = \frac{A}{\mu_1}$$

Selanjutnya dengan mensubstitusikan kondisi $I_m = 0$, diperoleh hasil sebagai berikut:

$$B - \frac{\beta_2 S_v I_m}{N} - \mu_2 S_v = 0$$
$$B - \frac{\beta_2 S_v (0)}{N} - \mu_2 S_v = 0$$
$$\mu_2 S_v = B$$
$$S_v = \frac{B}{\mu_2}$$

Jadi titik ekuilibrium bebas penyakit model SEITR-SI adalah titik E_0 yang diberikan oleh

$$E_0 = (S_m, E_m, I_m, T_m, R_m, S_v, I_v) = \left(\frac{A}{\mu_1}, 0,0,0,0, \frac{B}{\mu_2}, 0\right).$$

Titik ekuilibrium endemik merupakan titik ekuilibrium pada saat penyakit menyebar dalam populasi atau saat kelas terinfeksi tidak nol. Endemik penyakit artinya di dalam populasi selalu terdapat individu yang terserang penyakit. Kondisi ini mengakibatkan $I_m > 0$ dan $I_v > 0$. Titik ekuilibrium endemik dapat diiperoleh dengan bantuan software Maple. Titik ekuilibrium endemik model SEITR-SI adalah sebagai berikut:

$$S_m = \left(\frac{N\mu^2(\alpha\gamma + \alpha\mu_1 + \alpha\sigma + \gamma\mu_1 + \gamma\theta + \mu_1^2 + \mu_1\sigma + \mu_1\theta + \sigma\theta)P}{\alpha\beta_2\mu_1 Q}\right)$$

$$E_m = \frac{(\gamma + \sigma + \mu_1)R}{\mu_1\beta_2\alpha Q}$$

$$I_m = \frac{R(\delta + \mu_1)}{\mu_1\beta_2 Q}$$

$$T_m = \frac{\gamma R}{\mu_1\beta_2 Q}$$

$$R_m = \frac{(\alpha\delta\gamma + \alpha\delta\sigma + \alpha\mu_1\sigma + \delta\gamma\theta + \delta\mu_1\theta + \delta\sigma\theta + \gamma\mu_1\theta + \mu_1\sigma\theta)R}{\alpha\beta_2\mu_1 Q}$$

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

$$S_v = \frac{N\mu_1 Q}{\beta_1 P}$$

$$I_v = \frac{(\delta + \mu_1)R}{\beta_1 P}$$

dimana

$$\begin{aligned} P = (&N\alpha\delta\gamma\mu_1\mu_2 + N\alpha\delta\mu_1^2\mu_2 + N\alpha\delta\mu_1\mu_2\omega + N\alpha\delta\mu_1\mu_2\sigma + N\alpha\gamma\mu_1^2\mu_2 + N\alpha\gamma\mu_1\mu_2\omega + N\alpha\mu_1^3\mu_2 \\ &+ N\alpha\mu_1^2\omega + N\alpha\mu_1^2\mu_2\sigma + N\ \delta\gamma\mu_1^2\mu_2 + N\ \delta\gamma\mu_1\mu_2\omega + N\ \delta\gamma\mu_1\mu_2\theta + N\ \delta\mu_1^3\mu_2 \\ &+ N\ \delta\mu_1^2\mu_2\omega + N\ \delta\mu_1^2\mu_2\sigma + N\ \delta\mu_1\mu_2\theta + N\gamma\mu_1^3\mu_2 + N\gamma\mu_1^2\mu_2\omega + N\gamma\mu_1^2\mu_2\theta \\ &+ N\mu_1^4\mu_2 + N\mu_1^3\mu_2\omega + N\mu_1^3\mu_2\sigma + N\mu_1^3\mu_2\theta + N\mu_1^2\mu_2\omega\sigma + N\mu_1^2\mu_2\omega\theta + A\alpha\beta_2\delta\mu_1 \\ &+ A\alpha\beta_2\delta\omega + A\alpha\beta_2\mu_1^2 + A\alpha\beta_2\mu_1\omega) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Q = (&N\alpha\delta\gamma\mu_1\mu_2 + N\alpha\delta\gamma\mu_2\omega + N\alpha\delta\mu_1^2\mu_2 + N\alpha\delta\mu_1\mu_2\omega + N\alpha\delta\mu_1\mu_2\sigma + N\alpha\delta\mu_2\omega\sigma + N\alpha\gamma\mu_1^2\mu_2 \\ &+ N\alpha\gamma\mu_1\mu_2\omega + N\alpha\mu_1^3\mu_2 + N\alpha\mu_1^2\mu_2\omega + N\alpha\mu_1^2\mu_2\sigma + N\alpha\mu_1\mu_2\omega\sigma + N\delta\mu_1^2\mu_2\omega \\ &+ N\delta\mu_1^2\mu_2\sigma + N\delta\mu_1^2\mu_2\theta + N\delta\mu_1\mu_2\omega\sigma + N\delta\mu_1\mu_2\omega\theta + N\delta\mu_1\mu_2\sigma\theta + N\delta\mu_2\omega\sigma\theta \\ &+ N\gamma\mu_1^3\mu_2 + N\gamma\mu_1^2\mu_2\omega + N\gamma\mu_1^2\mu_2\theta + N\gamma\mu_1\mu_2\omega\theta + N\mu_1^4\mu_2 + N\mu_1^3\mu_2\omega + N\mu_1^3\mu_2\sigma \\ &+ N\mu_1^3\mu_2\theta + N\mu_1^2\mu_2\omega\sigma + N\mu_1^2\mu_2\omega\theta + N\mu_1^2\mu_2\sigma\theta + N\mu_1\mu_2\omega\sigma\theta + B\alpha\beta I\delta\gamma \\ &+ B\alpha\beta I\delta\mu_1 + B\alpha\beta I\delta\omega + B\alpha\beta I\delta\sigma + B\alpha\beta I\gamma\mu_1 + B\alpha\beta I\gamma\omega + B\alpha\beta I\mu_1^2 + B\alpha\beta I\mu_1\omega \\ &+ B\alpha\beta I\mu_1\sigma + B\beta I\delta\gamma\mu_1 + B\beta I\delta\gamma\omega + B\beta I\delta\gamma\theta + B\beta I\delta\mu_1^2 + B\beta I\delta\mu_1\omega + B\beta I\delta\mu_1\sigma \\ &+ B\beta I\delta\mu_1\theta + B\beta I\delta\omega\sigma + B\beta I\delta\sigma\theta + B\beta I\gamma\mu_1^2 + B\beta I\gamma\mu_1\omega + B\beta I\gamma\mu_1\theta + B\beta I\mu_1^3 \\ &+ B\beta I\mu_1^2\omega + B\beta I\mu_1^2\sigma + B\beta I\mu_1^2\theta + B\beta I\mu_1\omega\sigma + B\beta I\mu_1\sigma\theta) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} R = &-N^2\alpha\gamma\mu_1^2\mu_2^2 - N^2\alpha\gamma\mu_1\ \mu 2^2\omega - N^2\alpha\mu_1^3\mu_2^2 - N^2\alpha\mu_1^2\mu_2^2\omega - N^2\alpha\mu_1^2\mu_2^2\sigma - N^2\alpha\mu_1^2\mu_2^2\sigma\omega \\ &- N^2\gamma\mu_1^3\ \mu 2^2 - N^2\gamma\mu_1^2\ \mu_2^2\omega - N^2\gamma\mu_1^2\ \mu_2^2\theta - N^2\mu_1\ \mu_2^2\omega\theta - N^2\mu_1^4\mu 2^2 \\ &- N^2\mu_1^3\ \mu_2^2\omega - N^2\mu_1^3\ \mu_2^2\sigma - N^2\mu_1^3\ \mu_2^2\theta - N^2\mu_1^2\ \mu_2^2\omega\sigma - N^2\mu_1^2\mu_2^2\omega\theta - N^2\mu_1^2\mu_2^2\sigma\theta \\ &- N^2\mu_1\mu_2^2\omega\theta\sigma + AB\alpha\beta_1\beta_2\mu_1 + AB\beta_1\beta_2\omega \end{aligned}$$

Penentuan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari system SEITR-SI dengan mencari nilai eigen maksimum yang diperoleh dari matriks *next generation*. Matriks *next generation* dapat diperoleh dari persamaan subsistem terinfeksi dengan cara berikut:

1. Mengambil persamaan-persamaan yang menggambarkan kasus terinfeksi dan perubahan kompartemen infeksi dari system disebut subsystem terinfeksi. Subsystem yang menyebabkan terinfeksi pada model SEITRS-SI adalah E_m, I_m, T_m, I_v.
2. Melakukan linearisasi terhadap subsystem terinfeksi pada titik ekuilibrium bebas penyakit dipresentaikan dengan matriks Jacobian dari persamaan $\frac{E_m}{dt}, \frac{I_m}{dt}, \frac{Tm}{dt}, \frac{I_v}{dt}$

$$J_{[E_m, I_m, T_m, I_v]} = \begin{bmatrix} \frac{\partial E_m}{\partial E_m} & \frac{\partial E_m}{\partial I_m} & \frac{\partial E_m}{\partial T_m} & \frac{\partial E_m}{\partial I_v} \\ \frac{\partial I_m}{\partial E_m} & \frac{\partial I_m}{\partial I_m} & \frac{\partial I_m}{\partial T_m} & \frac{\partial I_m}{\partial I_v} \\ \frac{\partial T_m}{\partial E_m} & \frac{\partial T_m}{\partial I_m} & \frac{\partial T_m}{\partial T_m} & \frac{\partial T_m}{\partial I_v} \\ \frac{\partial I_v}{\partial E_m} & \frac{\partial I_v}{\partial I_m} & \frac{\partial I_v}{\partial T_m} & \frac{\partial I_v}{\partial I_v} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\alpha - \theta - \mu_1 & 0 & 0 & \frac{\beta_1 S_m}{N} \\ \alpha & -\gamma - \sigma - \mu_1 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & -\delta - \mu_1 & 0 \\ 0 & \frac{\beta_2 S_v}{N} & 0 & -\mu_2 \end{bmatrix}$$

3. Substitusi nilai tiitk ekuilibrium bebas penyakit ke matriks Jacobian sehingga diperoleh

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

$$J_{\left[\frac{A}{\mu_1},0,0,0,\frac{B}{\mu_2},0\right]} = \begin{bmatrix} -\alpha-\theta-\mu_1 & 0 & 0 & \frac{\beta_1}{N}.\frac{A}{\mu_1} \\ \alpha & -\gamma-\sigma-\mu_1 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & -\delta-\mu_1 & 0 \\ 0 & \frac{\beta_2}{N}.\frac{B}{\mu_2} & 0 & -\mu_2 \end{bmatrix}$$

4. Hitung R_0: mengingat fakta-fakta berikut

$$\lambda_1 = 0$$

$$\lambda_2 = 0$$

$$\lambda_3 = \frac{\sqrt{\mu_1(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)B\alpha A\beta_1\beta_2}}{N\mu_1\mu_2(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)},$$

$$\lambda_4 = -\frac{\sqrt{\mu_1(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)B\alpha A\beta_1\beta_2}}{N\mu_1\mu_2(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)},$$

maka bilangan reproduksi dasar diperoleh dari radius spektral atau dari nilai eigen terbesar, yang menghasilkan nilai

$$R_0 = \frac{\sqrt{\mu_1(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)B\alpha A\beta_1\beta_2}}{N\mu_1\mu_2(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)}$$

4. SIMULASI NUMERIK

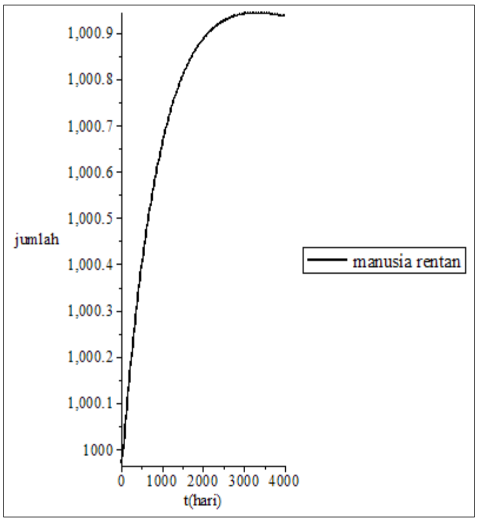
Pada bagian ini dipresentasikan hasil komputasi dari simulasi numerik terhadap perilaku model pada titik ekuilibrium. Simulasi dilakukan dengan memilih nilai-nilai parameter yang telah didefinisikan pada Tabel 2.2. Pada simulasi ini penulis memilih nilai-nilai parameter dengan mengikuti saran yang diberikan pada [7] seperti ditampilkan pada Tabel 3.1

Tabel 3.1. Daftar nilai-nilai parameter model SEITR-SI

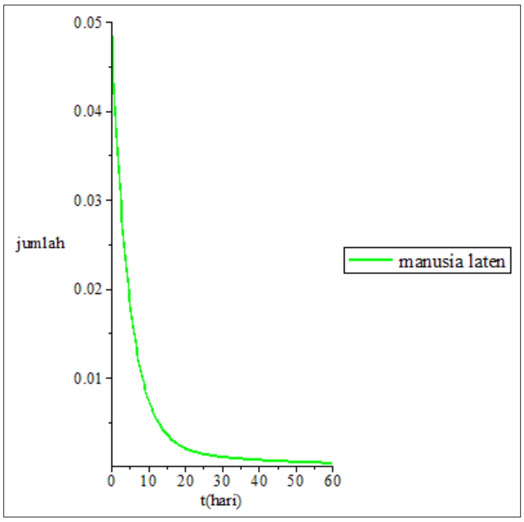
Parameter	Nilai
A	0,04
B	16,67
μ	0,00004
$\beta1$	0,2808
$\beta2$	0,00097
α	0,14
θ	0,07
γ	0,2
σ	0,07
δ	0,04
ω	0,001
N	1000

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

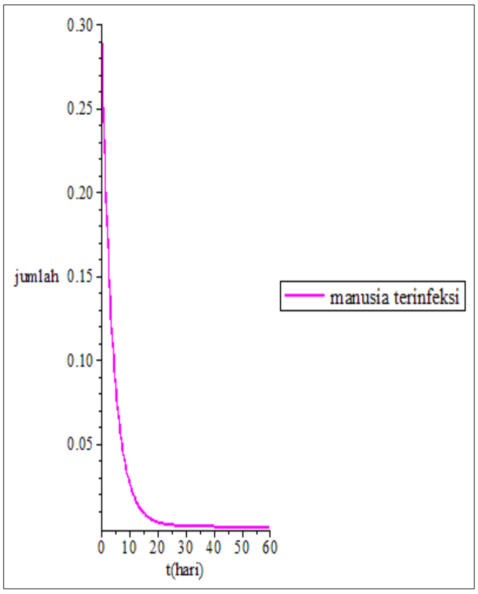
Hasil komputasi dengan bantuan *software* Maple 2018 dengan nilai-nilai parameter model yang diberikan pada Tabel 3.1 menunjukan bahwa bilangan reproduksi dasar yang bersesuaian dengan model SETR-SI sebesar $R_0 = 0{,}03208$. Hasil simulasi numerik adalah grafik yang memperlihatkan jumlah individu pada setiap catatan waktu t. Grafik a, b, c, d, e, f, g dan h dibangkitkan pada kondisi $R_0 < 1$.



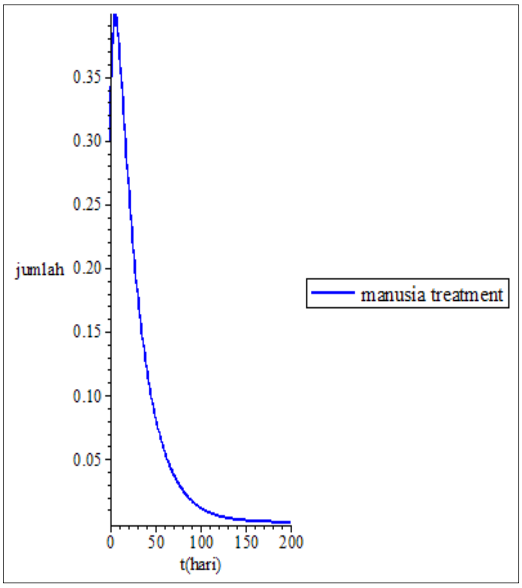
a)



b)

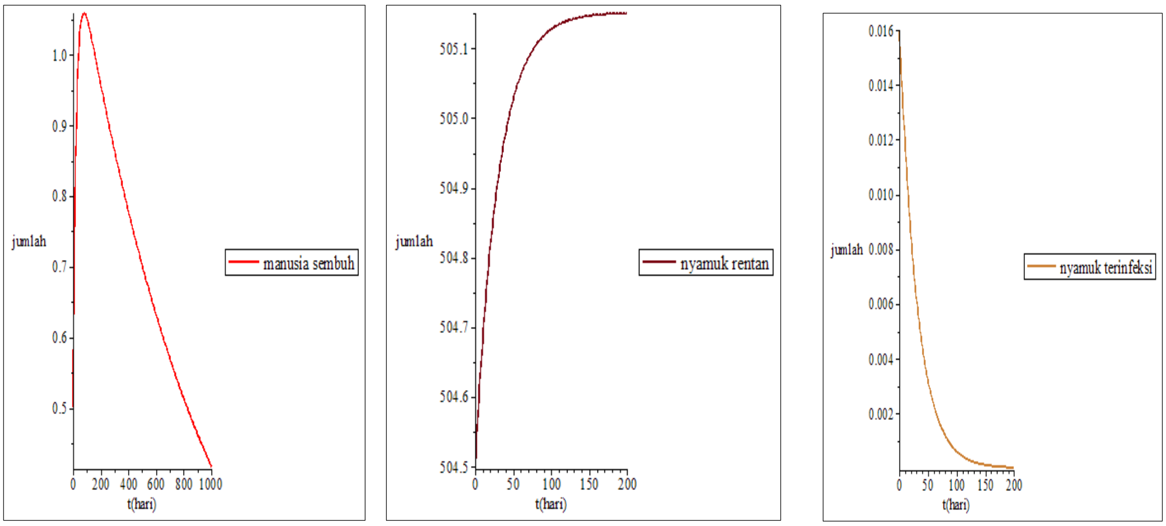


c)



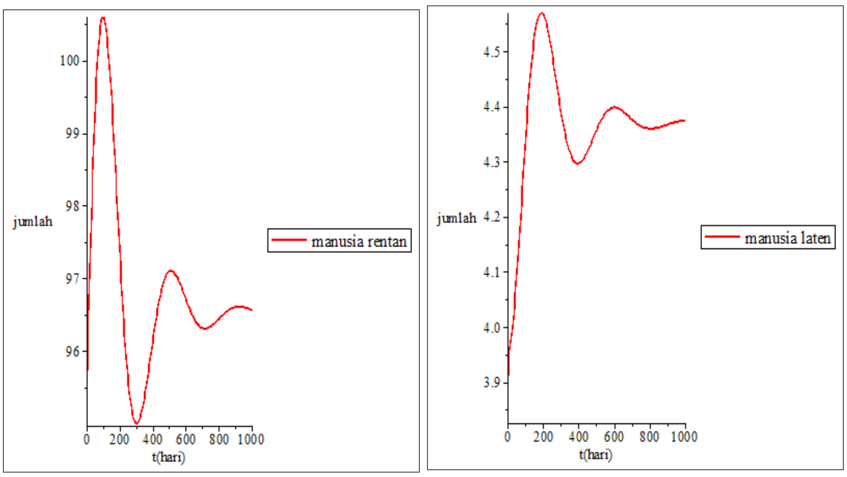
d)

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx



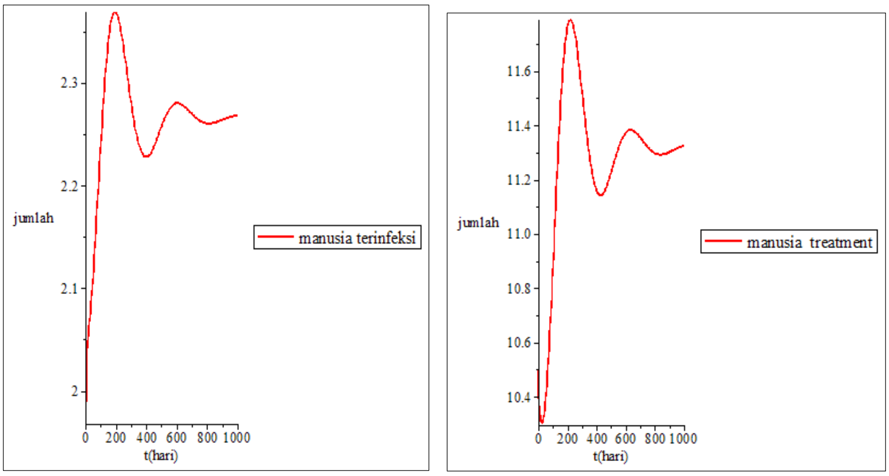
e) f) g)

bagian a menunjukkan bahwa jumlah manusia rentan dengan nilai awal 999,97 mengalami peningkatan seiring berjalanya waktu dan stabil di titik 1000,9. Kemudian bagian b dan c terlihat bahwa jumlah populasi manusia laten dan manusia terinfeksi mengalami penurunan hingga mencapai titik ekuilibrium, dengan nilai awalnya 0,05 dan 0,3. Bagian d terlihat bahwa jumlah manusia yang melakukan *treatment* dengan nilai awal 0,3 bertambah mencapai titik 0,4 dalam waktu yang singkat. Kemudian mengalami penurunan seiring bertambahnya waktu hingga mencapai titik ekuilibrium. Kemudian bagian e, subpopulasi manusia sembuh mengalami mengalami peningkatan, namun mengalami penurunan menuju titik ekuilibrium. Bagian f menunjukkan jumlah nyamuk rentan dengan nilai awal 504,5 mengalami peningkatan hingga mencapai titik 505,1 dan stabil di titik tersebut.. Kemudian bagian g menunjukkan bahwa jumlah nyamuk yang terinfeksi dengan nilai awal 0,016 mengalami penurunan seiring bertambahnya waktu hingga mencapai titik ekuilibrium. Dengan demikian, setelah mensubstitusikan nilai dari setiap parameter ke persamaan maka diperoleh bahwa model epidemik DBD memiliki nilai R_0 sebesar 0,03208 bersifat stabil asimtotik, karena $R_0 < 1$ ini menunjukkan bahwa pada kurun waktu tertentu penyakit akan menghilang.

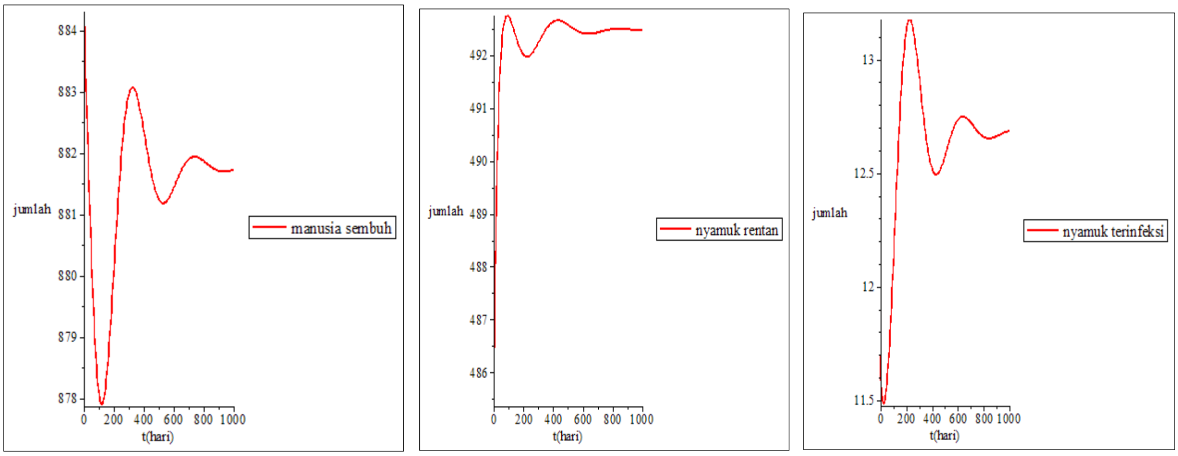


h) i)

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx



j) k)



l) m) n)

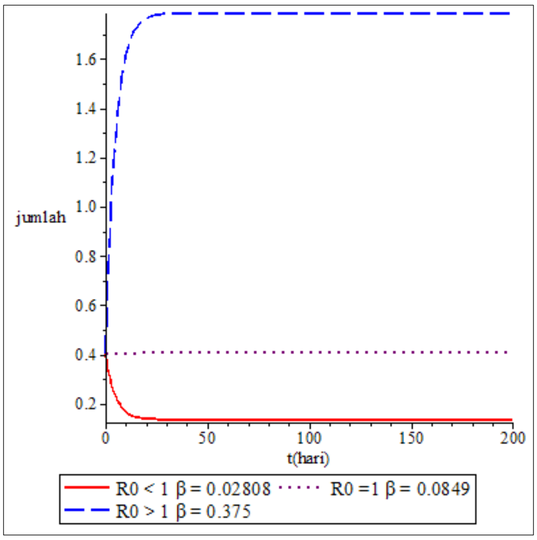
Selanjutnya dilakukan simulasi numerik untuk titik ekuilibrium endemik dengan mengubah nilai parameter β_1 dan β_2 menjadi $\beta_1 = 0{,}75$; $\beta_2 = 0{,}375$. Nilai $R_0 > 1$ yang digunakan adalah $R_0 = 3{,}2598$. Hasil simulasi yang diperoleh dengan bantuan Maple ditampilakan dalam bentuk grafik, yaitu grafik h, i, j, k, l, m dan n.

Pada grafik h ditunjukkan bahwa jumlah manusia rentan dengan nilai awal 95,5 mengalami peningkatan seiring berjalanya waktu, namun mengalami penurunan menuju titik nol dan mengalami peningkatan kembali menuju titik ekuilibrium dan stabil di titik tersebut. Kemudian pada grafik i dan j terlihat bahwa jumlah populasi manusia laten dan manusia terinfeksi seiring berjalannya waktu mengalami peningkatan dan stabil di sekitar titik ekuilibirum dengan nilai awal sebesar 3,83 dan 1,97. Grafik k memperlihatkan bahwa jumlah manusia yang melakukan *treatment* dengan nilai awal 10,5 mengalami penurunan menuju titik nol dalam waktu yang singkat namun mengalami peningkatan kembali dan stabil dititik 112. Kemudian pada grafik l terlihat bahwa subpopulasi manusia sembuh mengalami penurunan menuju titik nol, namun pada hari ke 180 mengalami peningakatan kembali menuju titik ekuilibrium. Selanjutnya grafik m menunjukkan jumlah nyamuk rentan dengan nilai awal 884,3 mengalami peningkatan hingga mencapai titik titik ekuilibrium dan stabil di titik tersebut.. Kemudian pada grafik bagian n ditunjukkan bahwa jumlah nyamuk yang terinfeksi dengan nilai awal 11,7 mengalami penurunan menuju titik nol namun dalam waktu singkat mengalami peningkatan kembali dan stabil di sekitar titik ekuilibrium.

Bakti Cendekia
Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

Jadi secara keseluruhan hasil simulasi yang diperoleh setelah mensubstitusikan nilai β_1 dan β_2 diperoleh bahwa model epidemik DBD memiliki nilai R_0 sebesar 3,28 bersifat stabil spiral. Karena $R_0 > 1$, maka situasi ini menunjukkan bahwa banyaknya individu yang terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) akan semakin bertambah seiring berjalnnya waktu dan penyakit akan mewabah.

Selanjutnya dibangun suatu simulasi untuk menggambarkan grafik $E_m(t)$ dengan memberikan nilai-nilai untuk masing-masing parameter sesuai dengan kondisi R_0 yaitu $R_0 < 1$ saat $\beta = 0{,}02808$, $R_0 > 1$ saat $\beta = 0{,}0849$ dan $R_0 = 1$ saat $\beta = 0{,}375$, dengan nilai syarat awalnya $E_m(0) = 0.42$. Maka grafik untuk $E_m(t)$ dapat dilihat pada Gambar 4.1, sebagai berikut:



Gambar 4.1. Grafik individu terinfeksi

Grafik pada Gambar 4.1 menunjukkan bahwa Ketika dipilih situasi dimana $R_0 < 1$, maka jumlah individu terinfeksi penyakit DBD seiring berjalannya waktu akan menghilang sehingga jumlah individu yang rentan maupun individu sembuh akan lebih banyak dibandingkan individu terinfeksi. Kemudian ketika $R_0 > 1$ maka banyaknya individu yang terinfeksi penyakit DBD akan selalu ada dan akan selalu bertambah seiring berjalannya waktu. Sedangkan saat $R_0 = 1$ maka penyakit akan tetap ada namun tidak menimbulkan wabah.

Pada penelitian ini telah dibuat model SEITRS-SI penyebaran penyakit DBD. Model ini masih dapat dikembangkan lagi mengingat masih terdapat faktor penyebab lain yang masih perlu dipertimbangkan untuk dilibarkan di dalam model. Model ini juga kiranya dapat digunakan untuk penyakit lainnya yang memenuhi asumsi model SEITRS-SI.

5. KESIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan baik secara analitik maupun dengan bvantuan simulasi numerik, dapat disimpulkan bahwa model SEITRS-SI penyebaran penyakit DBD mengikuti system persamaan diferensial berikut:

$$\frac{dS_m}{dt} = A - \frac{\beta_1 S_m I_v}{N} - \mu_1 S_m + \omega R_m$$

$$\frac{dE_m}{dt} = \frac{\beta_1 S_m I_v}{N} - (\alpha + \theta + \mu_1) E_m$$

$$\frac{dI_m}{dt} = \alpha E_m - (\gamma + \delta + \mu_1)$$
$$\frac{dT_m}{dt} = \gamma I_m - \delta T_m - \mu_1 T_m$$
$$\frac{dR_m}{dt} = \theta E_m + \sigma I_m + \delta T_m - \mu_1 R_m + \omega R_m$$
$$\frac{dS_v}{dt} = B - \frac{\beta_2 S_v I_m}{N} - \mu_2 S_v$$
$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{\beta_2 S_v I_m}{N} - \mu_2 I_v$$

Ttitik ekuilibrium dari model tersebut adalah titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemic, yang masing-masih diwakili oleh keondisi berikut. Titik ekuilibrium bebas penyakit, diwakili oleh kondisi

$$E_0 = (S_m.E_m, I_m, T_m, R_m, S_v, I_v) = \left(\frac{A}{\mu_1}, 0,0,0,0, \frac{B}{\mu_2}, 0\right) = (1000; 0; 0; 0; 0; 505,3; 0).$$

Sedangkan titik ekuilibrium endemik diwakili oleh kondisi berikut:

$$E_1 = (S_m.E_m, I_m, T_m, R_m, S_v, I_v) = (96,53; 4,38; 2.27; 11,36; 885,44; 492,42; 12,78).$$

Titik ekuilibrium bebas penyakit akan stabil asimtotik saat $R_0 < 1$, dengan

$$R_0 = \frac{\sqrt{\mu_1(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)B\alpha A\beta_1\beta_2}}{N\mu_1\mu_2(\alpha\gamma+\alpha\mu_1+\alpha\sigma+\gamma\mu_1+\gamma\theta+\mu_1^2+\mu_1\sigma+\mu_1\theta+\sigma\theta)}$$

yang menunjukkan bahwa penyakit akan menghilang seiring berjalanya waktu. Apabila $R_0 > 1$ maka titik ekuilibrium endemik akan stabil spiral.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penelitian ini dapat dilaksanakan dengan lancar berkat bantuan dan dukungan dari berbagai pihak, untuk itu peneliti mengucapkan terima kasih kepada Civitas Akademika Universitas Halu Oleo, dosen pembimbing, tim penguji dan pihak-pihak yang telah memfasilitasi dan membantu berjalannya penelitian ini.

Jurnal Nasional Hasil Penelitian Bidang Multidisiplin
Volume 1 Nomor 1, Hal. 56 - 68, Januari - Juni 2024
E-ISSN: 3047-6658
DOI: https://doi.org/10.30598/jnbcxxxxxxxxxxxxx

DAFTAR PUSTAKA

[1] L. Rohmah, Susanti, dan Haryanti, "Gambaran Tingkat Pengetahuan Masyarakat Tentang Penyakit Demam Berdarah Dengue", *Community of Publishing in Nursing*, Vol. 7, No. 1, pp. 16-18, 2019.

[2] Dinas Kesehatan Kota Kendari, " Kasus DBD Tahun 2022 Meningkat dibanding 2021" [online]. Tersedia: *Antaranews.Com*.

[3] P. Lumbanraja, "Model Penularan Penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) dalam System Dynamik Berdimensi Dua" *Jurnal METHODIKA*, Vol. *7*, No. 1, pp. 13-14, 2021.

[4] S. Mulisi, *Pengaruh Vaksinasi Terhadap Dinamika Populasi pada Model SIR (Susceptible-Infected-Recovered)*. SKRIPSI, IPB: Bogor, 2021.

[5] Irma dan A. F. Masluhiya, "Trend Penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) di Sulawesi Tenggara Berbasis Ukuran Epidemiologi". *JUMANTIK (Jurnal Ilmiah Penelitian Kesehatan)*, Vol. 6, No. 1, pp. 70-85, 2021.

[6] A. Bustamam, D. Aldila, dan A. Yuwanda, "Understanding Dengue Control for Short- and Long-Term Intervention with a Mathematical Model Approach". *Journal of Applied Mathematics*, Vol. 18, No. 2, pp. 1-13, 2018.

[7] M. Z. Ndii, *Pemodelan Matematika: Dinamika Populasi dan Penyebaran Penyakit*, CV BUDI UTAMA: Yogyakarta, 2018.

[8] S. Side, A. Zaki, dan Sari, "Analisis Model Matematika Penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan Fungsi Lyapunov", *Journal of Mathematics,* Vol. 1, No. 2, pp. 25-27, 2018.

[9] Z. A. Leleury, Y. A. Lesnussa, J. B. Bension, dan Y. S. Kakisina, "Analisis Stabilitas Model SIR (Susceptibles, Infected, Recovered) Pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue di Provinsi Maluku", *Jurnal Matematika*, Vol. 7, No. 2, pp. 144-155, 2018.