

ANALISIS PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE MELALUI MODEL MATEMATIKA SEIRD-ASI

ANALYSIS OF DENGUE HEMORRHAGIC FEVER TRANSMISSION DISEASE THROUGH THE SEIRD-ASI MATHEMATICAL MODEL

Aisyah Affandi¹, Pardi A^{2§}

¹Department of Mathematics, Indonesia Defense University [aaisyaaah08112004@gmail.com]

²Department of Mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Science, Lambung Mangkurat University [p_affandi@ulm.ac.id]

[§]Corresponding Author

Received 06th Nov 2024; Accepted 19th Nov 2024; Published 10th Des 2024;

Abstrak

Demam berdarah dengue adalah penyakit yang ditularkan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti*. Dalam kurun waktu 50 tahun terakhir penyebaran penyakit DBD secara global cenderung meningkat. Salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk mencegah penyakit DBD adalah dengan melalui model matematika, hal ini dilakukan untuk dapat memahami dinamika penyebaran penyakit melalui kestabilan titik ekuilibrium dari model penyakit. Pada model DBD berikut akan diklasifikasikan dalam 2 jenis kelas yaitu, kelas populasi manusia dan kelas populasi nyamuk. Sub populasi manusia terdiri dari populasi rentan, ekspos, terinfeksi, sembuh dan populasi meninggal. Sedangkan populasi nyamuk melibatkan fase akuatik, populasi rentan, dan populasi terinfeksi. Tujuan paper ini adalah menjelaskan dan merekonstruksi terbentuknya model penyakit DBD dengan melibatkan faktor akuatik melibatkan faktor dosis abate terhadap jumlah populasi jentik nyamuk *Aedes*, menentukan titik ekuilibrium dan bilangan reproduksi dasar, dan simulasi numerik. Hasil penelitian diperoleh adanya pengaruh faktor pada fase akuatik pada perlakuan pemberian dosis abate. Dimana tingkat dosis yang diberikan memberikan pengaruh terhadap jumlah pertumbuhan jentik. Pada model matematika epidemiologi berbentuk SEIRD-ASI dilakukan analisis matematika selanjutnya dilakukan simulasi menggunakan Software matematika sehingga membantu mengidentifikasi pengaruh perlakuan dari faktor pemberian dosis abate yang diberikan pada fase akuatik sehingga tindakan pencegahan dengan pemberian dosis yang tepat dapat dilakukan untuk menghambat pertumbuhan jentik yang diharapkan dapat membantu sebagai salah satu alternatif dalam menyelesaikan masalah penyebaran penyakit DBD.

Kata Kunci: Dengue, Pemodelan Penyakit, Analisis Kestabilan

Abstract

Dengue fever is a disease transmitted through the bite of the Aedes aegypti mosquito. In the last 50 years, the spread of dengue fever globally has tended to increase. One effort that can be made to prevent dengue fever is through a mathematical model, this is done to understand the dynamics of the spread of the disease through the stability of the equilibrium point of the disease model. In the following dengue fever model, it will be classified into 2 types of classes, namely, the human population class and the mosquito population class. The human subpopulation consists of susceptible, exposed, infected, recovered and deceased populations. While the mosquito population involves the aquatic phase, susceptible population, and infected population. The purpose of this paper is to explain and reconstruct the formation of a dengue fever disease model by involving aquatic factors involving the abate dose factor on the number of Aedes mosquito larvae population, determining the equilibrium point and basic reproduction number, and numerical

simulation. The results of the study obtained the influence of factors in the aquatic phase on the treatment of abate dose administration. Where the dose level given has an effect on the number of larvae growth. In the SEIRD-ASI epidemiological mathematical model, mathematical analysis is carried out, then simulation is carried out using mathematical software to help identify the effect of treatment from the abate dose factor given in the aquatic phase so that preventive measures by giving the right dose can be taken to inhibit the growth of larvae which is expected to help as an alternative in solving the problem of the spread of dengue fever.

Keywords : *Dengue, Disease Modeling, Stability Analysis*

1. Pendahuluan

Virus dengue menyebabkan demam berdarah dengue (DBD), yang ditandai dengan gejala seperti demam, sakit kepala, ruam kulit, dan nyeri pada otot dan sendi. Penyakit Dengue ditularkan melalui gigitan nyamuk yang terinfeksi, terutama *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* [1]. Kedua jenis nyamuk ini memiliki kemampuan untuk menyebarkan Virus Dengue ke populasi manusia, mengakibatkan efek yang berbahaya bahkan dapat menyebabkan kematian [2].

Saat ini banyak cara yang dilakukan dalam pengendalian DBD melalui pengelolaan lingkungan [3],[4] termasuk perbaikan akses terhadap air bersih, penggunaan sistem pakar [5], pengelolaan sampah yang efektif [6], eliminasi tempat berkembang biaknya nyamuk [7],[8], mengatur pemukiman [9] dan peningkatan desain rumah. Selain itu juga dengan pemberian larvasida berupa abate [10]. Abate merupakan larvasida untuk memberantas *Aedes* spp (*Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus*) yang merupakan vektor penyakit DBD. Namun masih diperlukan metode lain yang menjadi alternatif pengendalian penyakit DBD tersebut. Salah satu cara yang dapat dilakukan adalah dengan melalui pemodelan pada penyakit DBD. Hal ini dilakukan dengan membentuk model serta melakukan analisis terhadap model demam

berdarah dengue [11]. Model matematika yang seringkali digunakan dalam menyelesaikan masalah kesehatan salah satunya adalah menggunakan model model SIR (Susceptible, Infected, Recovered). Model ini banyak digunakan dalam berbagai jenis penyakit, termasuk juga pada model penyakit demam berdarah dengue, yang menjadi fokus utama dalam paper ini. Model SIR pertama kali diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927 [12].

Terdapat banyak model yang menggunakan SIR [13],[14] model SEIR [15],[16] SEIRS [17], SIR ASI [18], dan model lainnya [19] dan [20]. Beberapa model hanya melibatkan kompartemen manusia. Selanjutnya beberapa model melibatkan kompartemen manusia dan nyamuk. Selain itu, terdapat model DBD yang melibatkan fase akuatik seperti model SIR-ASI [21], dan [18].

Penelitian-penelitian sebelumnya banyak melibatkan variasi model SIR dan SEIR. Sehingga penulis tertarik untuk memodifikasi model SEIR pada penyakit DBD dengan melibatkan fase akuatik. Dalam paper ini, model tersebut disesuaikan dengan melibatkan kompartemen pada individu yang meninggal pada penyakit DBD.

Artikel ini bertujuan untuk membentuk model penyakit DBD SIRD-ASI. Setelah terbentuk model,

tahapan selanjutnya menentukan titik bebas penyakit, titik endemik juga menganalisis kestabilan titik bebas penyakit dan titik endemik dari model yang diperoleh. Setelah itu, menentukan bilangan reproduksi dasar dan menggunakan Software matematik sehingga diharapkan dapat mengidentifikasi pengaruh perlakuan dari faktor pemberian dosis abate yang diberikan pada fase akuatik sehingga dapat melakukan tindakan pencegahan yang tepat dalam membantu menyelesaikan masalah penyakit DBD.

2. Landasan Teori

2.1 Persamaan diferensial

Gigitan nyamuk *Aedes Aegypti* merupakan vektor penularan virus dengue penyebab penyakit demam berdarah dengue (DBD) pada manusia. Menurut [12], persamaan diferensial didefinisikan sebagai persamaan yang melibatkan suatu fungsi beserta turunannya terhadap satu atau lebih variabel bebas. Persamaan diferensial terbagi menjadi dua jenis utama, yaitu persamaan diferensial biasa (PDB) dan persamaan diferensial parsial (PDP).

Sebuah persamaan diferensial biasa linear orde- n , di mana y adalah variabel tak bebas dan x adalah variabel bebas, dapat dinyatakan dalam bentuk berikut:

$$a_0(x) \frac{d^n y}{dx^n} + a_1(x) \frac{d^{n-1} y}{dx^{n-1}} + \dots + a_{n-1}(x) \frac{dy}{dx} + a_n(x)y = f(x) \quad (1)$$

dengan $a_0(x) \neq 0$.

2.2 Sistem persamaan diferensial non linear

Menurut Ross [22], persamaan diferensial nonlinier adalah persamaan diferensial biasa yang bersifat tidak linier. Sementara itu, menurut Braun

[23], sistem persamaan diferensial nonlinier memiliki bentuk sebagai berikut:

$$\frac{dx}{dt} = f(x) \quad (2)$$

dengan

$$\frac{dx}{dt} = \begin{pmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \frac{dx_2}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} \end{pmatrix}; f(x) = \begin{pmatrix} f_1(x) \\ f_2(x) \\ \vdots \\ f_n(x) \end{pmatrix}; f, x \in \mathbb{R}^n$$

2.3 Titik ekuilibrium

Titik ekuilibrium merupakan titik yang menyatakan kesetimbangan suatu model matematika. Berikut definisi titik ekuilibrium menurut [24]. Diberikan sistem persamaan diferensial sebagai berikut.

$$\frac{dx}{dt} = f(x), \quad x \in \mathbb{R}^n$$

Suatu $\hat{x} \in \mathbb{R}^n$ dikatakan titik ekuilibrium dari Persamaan (2) jika $f(\hat{x}) = 0$, yaitu solusi yang tidak berubah terhadap variabel bebas.

2.4 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) [25] adalah rata-rata jumlah infeksi sekunder yang terjadi akibat penularan dari individu yang terinfeksi primer kepada individu rentan dalam populasi. Nilai R_0 memiliki tiga skenario yang mungkin:

1. Jika $R_0 < 1$, infeksi akan hilang seiring waktu.
2. Jika $R_0 > 1$, penyakit akan menyebar dalam suatu populasi yang berkaitan dengan kematian.
3. Jika $R_0 = 1$, maka penyakit menetap, artinya akan menetap pada kurun waktu tertentu.

Untuk menentukan R_0 , metode klasik yang digunakan adalah Metode Next Generation Matrix. Misalkan terdapat n kelas infeksi dan m kelas tidak

terinfeksi, dengan x sebagai populasi terinfeksi dan y sebagai populasi tidak terinfeksi persamaan dinamika populasi adalah:

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= \mathcal{F}(x, y) - V(x, y) \\ \frac{dy}{dt} &= W(x, y)\end{aligned}\quad (3)$$

Di mana $\mathcal{F}(x, y)$ adalah laju infeksi sekunder yang meningkatkan populasi terinfeksi dan $V(x, y)$ adalah laju perkembangan penyakit yang mengurangi populasi terinfeksi sedangkan $W(x, y)$ adalah laju perubahan populasi tidak terinfeksi. Titik ekuilibrium bebas penyakit terjadi ketika

$$\mathcal{F}(0, y) = 0 \text{ dan } V(0, y) = 0$$

Langkah-langkah menghitung R_0 adalah sebagai berikut:

1. Linearisasi persamaan di sekitar titik ekuilibrium bebas penyakit, menghasilkan bentuk

$$\frac{dx}{dt} = (D\mathcal{F} - DV)x$$

2. Dengan rumus dari $\mathcal{F}$ dan V untuk perhitungan R_0 yaitu $F = \left(\frac{\partial \mathcal{F}}{\partial x}\right)(0, \hat{y})$, $V = \left(\frac{\partial V}{\partial x}\right)(0, \hat{y})$

3. Matriks Next Generation, G didefinisikan sebagai $G = FV^{-1}$

4. Dengan V^{-1} merupakan matriks invers dari V .

Akhirnya, nilai R_0 adalah radius spektral (nilai eigen dominan) dari matriks yaitu:

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) \quad (4)$$

2.5 Metode Runge Kutta

Metode Runge-Kutta orde empat adalah salah satu metode numerik yang digunakan untuk menyelesaikan persamaan diferensial biasa dengan

masalah nilai awal. Metode ini merupakan alternatif dari metode deret Taylor, tetapi tidak memerlukan perhitungan turunan yang lebih tinggi. Runge-Kutta berusaha mencapai tingkat akurasi yang lebih tinggi dengan cara yang lebih sederhana. Metode ini memberikan ketelitian serupa dengan pendekatan deret Taylor tanpa memerlukan kalkulasi turunan yang kompleks.

Persamaan dasar Metode Runge-Kutta orde empat [26] adalah:

$$y_{i+1} = y_i +$$

$$\phi(x_i, y_i, h)h$$

dengan

y_i : nilai awal

y_{i+1} : nilai selanjutnya dengan ukuran Langkah h

h : ukuran langkah

$\phi(x_i, y_i, h)$ disebut suatu fungsi inkremen

yang dapat diinterpretasikan sebagai suatu slope rata-rata sepanjang interval.

Sehingga metode Runge-Kutta orde empat memiliki persamaan umum sebagai berikut.

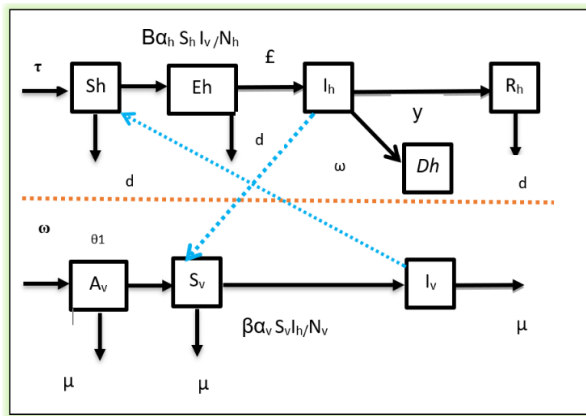
$$y_{i+1} = y_i + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)h \quad (5)$$

3. Hasil dan Pembahasan

Bab ini memaparkan proses pembentukan model dari penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD), penentuan titik ekuilibrium, perhitungan bilangan reproduksi dasar, serta simulasi numerik pada model.

3.1 Pembentukan Model Penyakit Demam Berdarah Dengue

Model matematika penyebaran DBD menggambarkan dinamika penularan antara populasi manusia dan nyamuk. Model ini mengelompokkan populasi ke dalam dua kategori: populasi nyamuk (vektor) berupa kompartemen ASI dan populasi manusia (host) berupa kompartemen SEIRD.



Gambar 1. Skema penyakit DBD model SEIRD-ASI

Pada pembentukan model matematika DBD ini, asumsi-asumsi yang digunakan dalam pembentukan model adalah sebagai berikut:

1. Tingkat kelahiran populasi manusia, jentik nyamuk dan nyamuk dianggap konstan.
2. Nyamuk hanya memperoleh darah dari manusia, bukan dari hewan atau makhluk hidup lainnya.
3. Infeksi manusia terjadi ketika nyamuk terinfeksi menggigit manusia sehat yang rentan, dan infeksi nyamuk terjadi saat nyamuk sehat menggigit manusia terinfeksi.
4. Manusia yang terpapar akan masuk ke subpopulasi ekspose.

Populasi nyamuk (vektor) dibagi menjadi tiga kelas, yaitu:

1. Populasi Akuatik, dilambangkan $A_v(t)$, mewakili nyamuk pada fase jentik pada waktu t .
2. Populasi Rentan (Susceptible), dilambangkan $S_v(t)$, mewakili nyamuk yang sehat namun rentan terinfeksi virus dengue pada waktu t .
3. Populasi Terinfeksi (Infectious), dilambangkan $I_v(t)$, mewakili nyamuk

yang telah terinfeksi virus dan mampu menularkan penyakit.

Dengan parameter-parameter yang digunakan sebagai berikut.

Tabel 1. Parameter yang digunakan dalam Model

No	Notasi	Keterangan
1	ϵ	Laju perpindahan dari populasi manusia ekspose ke populasi terinfeksi
2	w	Laju perpindahan dari populasi manusia terinfeksi ke populasi meninggal
3	μ	Tingkat Laju kematian alami dari populasi nyamuk
4	β	Tingkat gigitan rata-rata per nyamuk per orang
5	A_v	Populasi akuatik jentik nyamuk
6	d	Tingkat kematian alami manusia
7	θ_1	Laju perpindahan dari populasi akuatik menuju nyamuk rentan dewasa akibat pemberian abate
8	N_h	Jumlah total populasi manusia pada saat t
9	N_v	Jumlah total populasi nyamuk pada saat t
10	ω	Laju pertumbuhan populasi nyamuk yang konstan
11	τ	Laju pertumbuhan populasi Manusia yang konstan
12	y	Laju perpindahan penyakit dari populasi manusia terinfeksi ke populasi sembuh
13	α_h	Laju penyebaran penyakit dari populasi nyamuk ke populasi manusia
14	α_v	Laju penyebaran penyakit dari populasi manusia ke populasi nyamuk

Populasi manusia (host) dibagi menjadi lima kelas, yaitu: Populasi Rentan, Populasi Terpapar, Populasi Terinfeksi, Populasi Sembuh dan Populasi Death (meninggal).

Total populasi manusia pada waktu t adalah jumlah dari semua subpopulasi Rentan, Terpapar,

Terinfeksi, Sembuh dan Meninggal. Secara matematis, total populasi manusia dan populasi vektor dapat

dirumuskan sebagai:

$$N_h(t) = S_h(t) + E_h(t) + I_h(t) + R_h(t) + D_h(t)$$

dan $N_v(t) = A_v(t) + S_v(t) + I_v(t)$

Dari notasi pada model, asumsi yang digunakan dan skema penyebaran penyakit dari model, maka dapat diberikan persamaan SEIRD-ASI sebagai berikut:

3.2 Titik Keseimbangan dan Bilangan Reproduksi Dasar

Analisis kestabilan dalam model penyebaran Demam Berdarah Dengue (DBD) melibatkan dua titik keseimbangan utama, yaitu titik keseimbangan bebas penyakit dan titik keseimbangan endemik. Untuk menentukan titik keseimbangan ini, diperlukan pemenuhan kondisi bahwa semua turunan waktu untuk setiap kompartemen bernilai nol: $\frac{dS_h}{dt} = 0$; $\frac{dE_h}{dt} = 0$; $\frac{dI_h}{dt} = 0$; $\frac{dA_v}{dt} = 0$; $\frac{dS_v}{dt} = 0$; $\frac{dI_v}{dt} = 0$. Dengan menyelesaikan persamaan berikut, diperoleh titik-titik yang dikenal sebagai titik keseimbangan. Titik keseimbangan bebas penyakit menggambarkan keadaan di mana tidak terjadi penyebaran penyakit demam berdarah dalam populasi. Oleh karena itu, untuk menentukan titik keseimbangan bebas penyakit pada model SEIRD-ASI, dapat diperoleh sebagai berikut Eo $(\frac{\theta_h}{d}, 0, 0, 0, 0, \frac{\omega}{\mu + \theta_1}, \frac{\omega \theta_1}{\mu(\mu + \theta_1)}, 0)$.

Langkah berikutnya adalah menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) untuk memahami dinamika penyebaran penyakit. Bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah suatu besaran yang

menunjukkan tingkat penyebaran infeksi pada penyakit. Bilangan ini dapat ditentukan menggunakan Metode Next Generation Matrix. Bilangan reproduksi dasar (R_0) didefinisikan sebagai nilai eigen dominan dari matriks Next Generation yaitu $|\lambda_1| = |\lambda_2| = |0|$ atau $|\lambda_3| = |\lambda_4|$, maka nilai eigen yang dihasilkan memperoleh nilai yang dominan sehingga diperoleh $|\lambda_1| = |\lambda_2| < |\lambda_3| = |\lambda_4|$.

$$\frac{dA_v}{dt} = \omega - \theta_1 A_v - \mu A_v \quad (6)$$

$$\frac{dS_v}{dt} = \theta_1 A_v - \beta \frac{\alpha_v S_v I_h}{N_v} - \mu S_v \quad (7)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \beta \frac{\alpha_v S_v I_h}{N_v} - \mu I_v \quad (8)$$

$$\frac{dS_h}{dt} = \tau_h - \beta \frac{\alpha_h S_h I_v}{N_h} - d S_h \quad (9)$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \beta \frac{\alpha_h S_h I_v}{N_h} - d E_h - \epsilon E_h \quad (10)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \epsilon E_h - w I_h - y I_h \quad (11)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = y I_h - d R_h \quad (12)$$

$$\frac{dD_{hi}}{dt} = w I_h \quad (13)$$

Dengan demikian, nilai eigen nominan dari matriks G adalah:

$$R_0 = \frac{\beta(-2\beta\theta_1\alpha_h\alpha_v(N_v d - \frac{\theta_h}{2}) + 2\sqrt{\frac{\beta^2\alpha_h\alpha_v\theta_1\theta_2^2}{4} + d^2\mu N_v^2(w+y)(\mu+\theta_1)\alpha_h\alpha_v\theta_1})}{-2\beta^2\alpha_v\theta_1(N_v d - \theta_h)\alpha_h + 2d\mu N_v(\mu+\theta_1)(w+y)} \quad (14)$$

Titik kesetimbangan endemik adalah kondisi dimana penyebaran penyakit tetap ada pada tingkat yang stabil dari waktu ke waktu. Dengan demikian, dapat diperoleh titik kesetimbangan endemik sebagai berikut.

$$S_h = ((\beta\epsilon\mu\alpha_v\theta_1 + \beta\epsilon\alpha_v\theta_1\theta_h + \epsilon\mu^2\omega N_v + \epsilon\mu^2\gamma N_v + \epsilon\mu\omega N_v\theta_1 + \epsilon\mu\gamma N_v\theta_1 + d\mu^2\omega N_v + d\mu^2\gamma N_v + d\mu\omega N_v\theta_1 + d\mu\gamma N_v\theta_1)\mu N_h) \quad (15)$$

$$E_h = \beta^2\epsilon\omega\alpha_h\alpha_v\theta_1\theta_h - \epsilon d\mu^3\omega N_h N_v - \epsilon d\mu^3\gamma N_h N_v - \epsilon d\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - \epsilon d\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^3\omega N_h N_v - d^2\mu^3\gamma N_h N_v - d^2\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 \quad (16)$$

$$I_h = \beta^2\epsilon\omega\alpha_h\alpha_v\theta_1\theta_h - \epsilon d\mu^3\omega N_h N_v - \epsilon d\mu^3\gamma N_h N_v - \epsilon d\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - \epsilon d\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^3\omega N_h N_v - d^2\mu^3\gamma N_h N_v - d^2\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 \quad (17)$$

$$R_h = (\gamma(\beta^2\epsilon\omega\alpha_h\alpha_v\theta_1\theta_h - \epsilon d\mu^3\omega N_h N_v - \epsilon d\mu^3\gamma N_h N_v - \epsilon d\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - \epsilon d\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^3\omega N_h N_v - d^2\mu^3\gamma N_h N_v - d^2\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1)) \quad (18)$$

$$D_h = \epsilon d\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - \epsilon d\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 \quad (19)$$

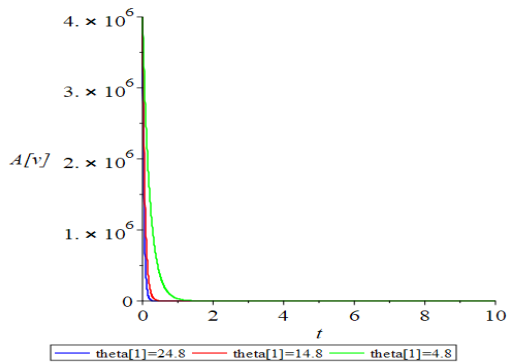
$$A_v = \frac{\omega}{\mu + \theta_1} \quad (20)$$

$$S_v = (N_v(\beta\epsilon\omega^2\alpha_h\theta_1 + \beta\epsilon\omega\gamma\alpha_h\theta_1 + \beta d\omega^2\alpha_h\theta_1 + \beta d\omega\gamma\alpha_h\theta_1 + \epsilon d\mu^2\omega N_h + \epsilon d\mu^2\gamma N_h + \epsilon d\mu\omega N_h\theta_1 + \epsilon d\mu\gamma N_h\theta_1 + d^2\mu^2\omega N_h\theta_1 + d^2\mu^2\gamma N_h\theta_1)) \quad (21)$$

$$I_v = \beta^2\epsilon\omega\alpha_h\alpha_v\theta_1\theta_h - \epsilon d\mu^3\omega N_h N_v - \epsilon d\mu^3\gamma N_h N_v - \epsilon d\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - \epsilon d\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^3\omega N_h N_v - d^2\mu^3\gamma N_h N_v - d^2\mu^2\omega N_h N_v\theta_1 - d^2\mu^2\gamma N_h N_v\theta_1 \quad (22)$$

3.3 Simulasi Model

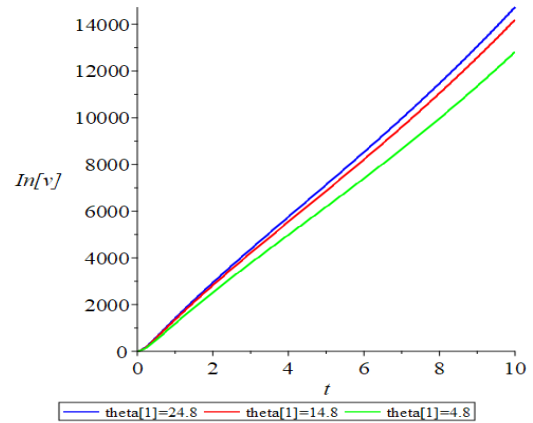
Pada bagian selanjutnya, diberikan simulasi untuk mengetahui pengaruh perubahan parameter θ_1 terhadap populasi akuatik pengaruh simulasi dosis abate terhadap jumlah populasi jentik nyamuk Aedes. Faktor ini digunakan dalam model secara khusus pengaruhnya pada kompartemen akuatik dan yang lain.



Gambar 2. Pengaruh Variasi Parameter θ_1 terhadap Fase Akuatik Nyamuk (A_v)

Grafik di atas menunjukkan hasil simulasi dari model penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) simulasi dilakukan dengan tiga nilai parameter θ_1 yang berbeda, yaitu $\theta_1 = 24.8$, $\theta_1 = 14.8$ dan $\theta_1 = 4.8$ hal ini dilakukan untuk melihat pengaruh variasi nilai θ_1 terhadap dinamika populasi

jentik nyamuk pada fase akuatik. Pada Gambar 2 dengan tiga nilai parameter θ_1 yang berbeda, yaitu $\theta_1 = 24.8$, $\theta_1 = 14.8$ dan $\theta_1 = 4.8$, populasi akuatik ini menurun drastis dengan dinaikkannya nilai θ_1 .



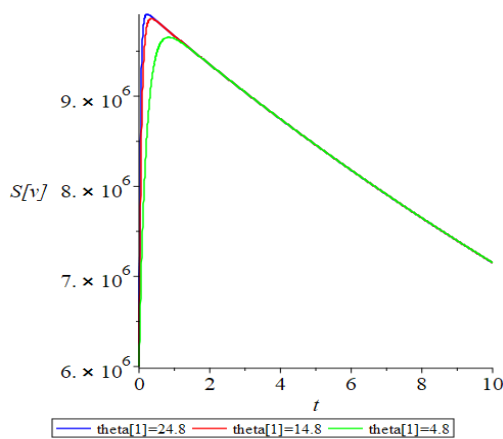
Gambar 3. Pengaruh Variasi Parameter θ_1 terhadap Fase Nyamuk terinfeksi (I_v)

Penurunan ini menunjukkan efektivitas proses yang mengendalikan atau mengurangi populasi larva nyamuk dalam model yang dianalisis. Demikian juga pada Gambar 3 dengan tiga nilai parameter θ_1 yang berbeda, yaitu $\theta_1 = 24.8$, $\theta_1 = 14.8$ dan $\theta_1 = 4.8$, menurunnya nilai θ_1 juga akan menyebabkan nyamuk terinfeksi akan menurun demikian juga sebaliknya.

Perbedaan laju penurunan populasi larva terlihat jelas dengan variasi nilai θ_1 . Garis biru yang mewakili $\theta_1 = 24.8$ menunjukkan penurunan paling cepat, diikuti oleh garis merah untuk $\theta_1 = 14.8$, dan garis hijau untuk $\theta_1 = 4.8$. Hal ini menunjukkan bahwa semakin besar nilai θ_1 , semakin cepat penurunan populasi larva nyamuk terjadi. Parameter θ_1 dapat dianggap sebagai ukuran intensitas atau efektivitas tindakan

pengendalian pada fase larva. Dengan demikian, nilai θ_1 yang lebih tinggi akan merepresentasikan tindakan pengendalian yang lebih kuat atau lebih efektif untuk mengurangi habitat jentik nyamuk.

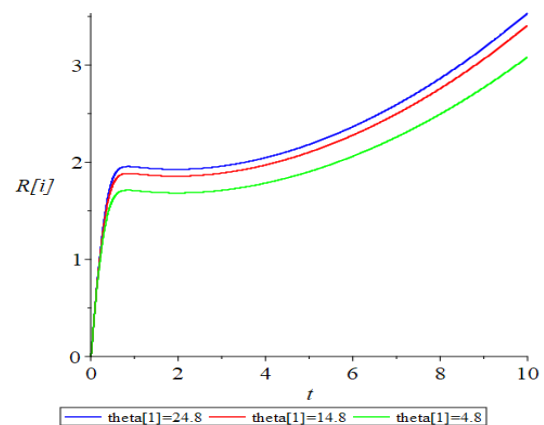
Hal ini penting dalam strategi pengendalian vektor nyamuk sebagai upaya pencegahan dini terhadap penyebaran penyakit DBD dalam suatu populasi.



Gambar 4. Pengaruh Variasi Parameter θ_1 terhadap Fase manusia Susceptible (S_i)

Grafik pada Gambar 4 menunjukkan perubahan populasi manusia rentan (S_i) terhadap waktu t dengan variasi nilai parameter θ_1 . Grafik ini menggambarkan awalnya meningkat namun berikutnya mengalami penurunan yang konsisten dalam jumlah manusia rentan dari waktu ke waktu, dengan pola yang hampir sama untuk ketiga nilai θ_1 . Garis yang mewakili yaitu $\theta_1 = 24.8$, $\theta_1 = 14.8$ dan $\theta_1 = 4.8$ hampir bersamaan awalnya meningkat berikutnya sama-sama mengalami penurunan secara signifikan, menunjukkan bahwa perubahan parameter θ_1 mempengaruhi jumlah manusia yang rentan secara signifikan dalam

model ini. Garis biru yang mewakili $\theta_1 = 24.8$ menunjukkan pertumbuhan populasi manusia rentan yang paling cepat, diikuti oleh garis merah $\theta_1 = 14.8$ dan garis hijau $\theta_1 = 4.8$. Dari grafik ini parameter θ_1 dalam mencerminkan faktor yang mempengaruhi tingkat transmisi infeksi di antara nyamuk yaitu efisiensi penularan virus dari manusia ke nyamuk.



Gambar 5. Pengaruh Variasi Parameter θ_1 terhadap Fase manusia Recovered (R_i) Grafik di atas menunjukkan perubahan populasi manusia sembuh (R_i) terhadap waktu t dengan variasi nilai parameter θ_1 . Grafik ini menggambarkan awalnya meningkat namun berikutnya mengalami penurunan yang konsisten dalam jumlah manusia rentan dari waktu ke waktu, dengan pola yang hampir sama untuk ketiga nilai θ_1 . Grafik Gambar 5, Populasi Sembuh (Recovered), dilambangkan $R_i(t)$, mewakili manusia yang sembuh terlihat bahwa variasi nilai θ_1 memberikan dampak pada laju kenaikan populasi manusia sembuh. Garis yang mewakili yaitu $\theta_1 = 24.8$, $\theta_1 = 14.8$ dan $\theta_1 = 4.8$ hampir bersamaan sama-sama

mengalami kenaikan secara signifikan, menunjukkan bahwa perubahan parameter θ_1 mempengaruhi jumlah manusia yang rentan secara signifikan dalam model ini. Garis biru yang mewakili $\theta_1 = 24.8$ menunjukkan pertumbuhan populasi manusia sembuh yang paling cepat, diikuti oleh garis merah $\theta_1 = 14.8$ dan garis hijau $\theta_1 = 4.8$. Dengan demikian, nilai θ_1 yang lebih tinggi akan merepresentasikan tindakan pengendalian yang lebih kuat atau lebih efektif untuk meningkatkan jumlah manusia yang rentan secara signifikan.

4. Kesimpulan dan Saran

Hasil penelitian diperoleh adanya pengaruh faktor θ_1 (pemberian dosis abate) yang dilibatkan pada fase akuatik pada perlakuan model. Dari model matematika epidemiologi yang diperoleh berbentuk SEIRD-ASI dapat dilihat pengaruh yang diberikan melalui simulasi model yang ada pada kompartemen akuatik dan nyamuk terinfeksi pada vektor, juga kompartemen manusia Susceptible dan manusia Recovered.

Saran yang diberikan berikutnya dapat melanjutkan ke tingkat efisiensi dan batasan dari nilai pengaruh faktor yang lain yang terlibat pada model.

Daftar Pustaka

- [1] B. R. Fitriana, "Hubungan Faktor Suhu Dengan Kasus Demam Berdarah Dengue (DBD) Di Kecamatan Sawahan Surabaya," *Indones. J. Public Heal.*, vol. 13, no. 1, p. 85, 2019, doi: 10.20473/ijph.v13i1.2018.85-97.
- [2] S. Q. Deng, X. Yang, Y. Wei, J. T. Chen, X. J. Wang, and H. J. Peng, "A review on dengue vaccine development," *Vaccines*, vol. 8, no. 1, 2020. doi: 10.3390/vaccines8010063.
- [3] L. Boekoesoe, "Kajian Faktor Lingkungan Terhadap Kasus Demam Berdarah Dengue (DBD) Studi Kasus Di Kota Gorontalo Provinsi Gorontalo," *Univ. Negeri Gorontalo*, p. 2, 2013, [Online]. Available: <https://repository.ung.ac.id/riset/show/2/949/kajian-faktor-lingkungan-terhadap-kasus-demam-berdarah-dengue-dbd-studi-kasus-di-kota-gorontalo-provinsi-gorontalo.html>
- [4] I. W. R. A. Nugrahaningsih, Mardiyani, N Adi Putra, "Hubungan Faktor Lingkungan Dan Perilaku Masyarakat Dengan Keberadaan Jentik Nyamuk Penular Demam Berdarah Dengue (DBD) di Wilayah Kerja Puskesmas Kuta Utara," *Ecotrophic J. Environ. Sci.*, vol. 5, no. 2, pp. 93–97, 2010.
- [5] R. Arafiah, M. R. A. Buono, and I. M. D. Subrata, "Sistem Pakar Pencegahan Epidemi Demam Berdarah Dengue," pp. 222–228, 2016, doi: 10.5614/sniko.2015.32.
- [6] F. Priesley, M. Reza, and S. R. Rusdji, "Hubungan Perilaku Pemberantasan Sarang Nyamuk dengan Menutup, Menguras dan Mendaur Ulang Plus (PSN M Plus) terhadap Kejadian Demam Berdarah Dengue (DBD) di Kelurahan Andalas," *J. Kesehat. Andalas*, vol. 7, no. 1, p. 124, 2018, doi: 10.25077/jka.v7.i1.p124-130.2018.
- [7] O. Hasan, S. Sentinuwo, and A. Sambul, "Pemodelan dan Simulasi Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) dengan Menggunakan Model Cellular Automata," *J. Tek. Inform.*, vol. 10, no. 1, 2017, doi: 10.35793/jti.10.1.2017.15636.
- [8] G. Alkatiri, P. Affandi, and M. Idris, "The Influence of Rainy Days, Temperature, and Humidity on Dengue Hemorrhagic Fever Using Multinomial Logistic Regression." *MAp (Mathematics Appl. J.)*, 2024, [Online]. Available: <https://ejournal.uinib.ac.id/jurnal/index.php/MAp/article/view>
- [9] E. Chandra, "Pengaruh Faktor Iklim, Kepadatan Penduduk dan Angka Bebas Jentik (ABJ) Terhadap Kejadian Demam Berdarah Dengue (DBD) di Kota Jambi," *J. Pembang. Berkelanjutan*, vol. 1, no. 1, pp. 1–15, 2019.
- [10] F. I. J. Lauwrens, "Pengaruh Dosis Abate Terhadap Jumlah Populasi Jentik Nyamuk Aedes Spp di Kecamatan Malalayang Kota Manado," *J. e-Biomedik*, vol. 2, no. 1, pp. 1–

- 5, 2014, doi: 10.35790/ebm.2.1.2014.4391.
- [11] P. Affandi, M. K. Ahsar, E. Suhartono, and J. Dalle, "Sistematic Review: Mathematics Model Epidemiology of Dengue Fever," *Univers. J. Public Healt.*, vol. 10, no. 4, pp. 419–429, 2022, doi: 10.13189/ujph.2022.100415..
- [12] W. Kermack and A. G. McKendrick, "A contribution to the mathematical theory of epidemics," *Proc. R. Soc. London. Ser. A, Contain. Pap. a Math. Phys. Character*, vol. 115, no. 772, pp. 700–721, 1927, doi: 10.1098/rspa.1927.0118.
- [13] N. Nuraini, E. Soewono, and K. A. Sidarto, "Mathematical model of dengue disease transmission with severe DHF compartment," *Bull. Malaysian Math. Sci. Soc.*, vol. 30, no. 2, pp. 143–157, 2007, [Online]. Available: <https://eudml.org/doc/53855%5Cnhttp://www.emis.de/journals/BMMSS/pdf/v30n2/v30n2p7.pdf>
- [14] S. Side and S. M. Noorani, "A SIR model for spread of dengue fever disease (Simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia)," *World J. Model. Simul.*, vol. 9, no. 2, pp. 96–105, 2013, doi: 10.13140/RG.2.1.5042.6721.
- [15] "Optimal Control Model of Malaria Spread in South Kalimantan," in *Ahmad Dahlan International Conference on Mathematics and Mathematics Education*, Oct. 2017. [Online]. Available: <http://eprints.ulm.ac.id/2968/>
- [16] S. S. and M. S. M. Noorani, "SEIR Model for Transmission of Dengue Fever in Selangor Malaysia," *Int. J. Mod. Phys. Conf. Ser.*, vol. 09, pp. 380–389, 2012, doi: 10.1142/s2010194512005454.
- [17] M. Jannah, "Model Matematika SEIR -SEI Pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue Dengan Pengaruh Suhu," *MAP (Mathematics Appl. J.*, 2020, [Online]. Available: <https://ejournal.uinib.ac.id/jurnal/index.php/MAP/article/view/2267>
- [18] P. Affandi, M. Ahsar K, E. Suhartono, I. Syauqiah, H. Santanapurba, and J. Dalle, "Mathematics Model: Dominant Factors of Dengue Hemorrhagic Fever Disease," *Oper. Res. Eng. Sci. Theory Appl.*, vol. 6, no. 3, pp. 287–303, 2023, doi: 10.31181/oresta/060314.
- [19] P. Affandi, A. K, S. W, A. S, and A. A, "Strategy to Control Environmental Factors and Community Behavior Based on a Model of the Endemic Incident of Dengue Fever," Aug. 2024. doi: 10.4108/eai.2-11-2023.2348013.
- [20] P. Affandi, M. M. S, O. A.B, and A. Rahim, "Optimum Control in the model of blood fever disease with vaccines and treatment," *SCIREA J. Math.*, Dec. 2021, doi: 10.54647/mathematics11303.
- [21] A. Agustina and P. Affandi, "Analisis Model Sir-Asi Pada Penyakit Demam Berdarah Dengue Analysis of the Sir-Asi Model in Dengue Fever," *MAP J.*, pp. 25–33, 2023.
- [22] E. Schoenbaum, "A contribution to the mathematical theory of pension insurance," *Časopis Pro Pěstování Mat. a Fys.*, vol. 053, no. 1, pp. 163–173, 1924, doi: 10.21136/cpmf.1924.109357.
- [23] A. Fischer, K. Chudej, and H. J. Pesch, "Optimal vaccination and control strategies against dengue," *Math. Methods Appl. Sci.*, vol. 42, no. 10, pp. 3496–3507, 2019, doi: 10.1002/mma.5594.
- [24] I. Juliah, "Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan Model Matematika Proses Transmisi Virus Dengue Di Dalam Tubuh Manusia Dengan Terapi Obat Herbal," *Unnes J. Math.*, vol. 5, no. 2, pp. 127–134, 2016.
- [25] E. Binsasi, E. N. Bano, and C. N. Salsinha, "Analisis Model Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue di Kota Kefamenanu," *Statmat J. Stat. Dan Mat.*, vol. 3, no. 1, p. 1, 2021, doi: 10.32493/sm.v3i1.8361.
- [26] J. K. K. Asamoah *et al.*, "Optimal Control and Cost-effectiveness Analysis for Dengue Fever model with Asymptomatic and Partial Immune Individuals," *Results Phys.*, vol. 31, p. 104919, 2021, doi: 10.1016/j.rinp.2021.104919.