

MODEL MATEMATIKA SEIRS-SEI PADA PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH *DENGUE* DENGAN PENGARUH SUHU

SEIRS-SEI MATHEMATIC MODEL ON THE SPREAD OF DENGUE HEMORRHAGIC FEVER WITH TEMPERATURE EFFECT

La Ode Sabran^{1§}, Miftahul Jannah²

¹Jurusan Matematika Universitas Halu Oleo, Indonesia [Ld.sabran@uho.ac.id]

²Universitas Islam Negeri Imam Bonjol Padang, Indonesia [Miftahuljannah@uinib.ac.id]

[§]Corresponding Author

Received November 2020; Accepted November 2020; Published Desember 2020;

Abstrak

Penyakit Demam Berdarah (DBD) adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus *dengue* dan ditularkan melalui gigitan nyamuk. Penyakit ini banyak berkembang di daerah tropis dan sub-tropis seperti Indonesia. Ada dua populasi makhluk hidup yang terlibat dalam penyebaran penyakit DBD yaitu manusia yang disebut *host* dan nyamuk *Aedes Aegypti* betina yang disebut sebagai *vector* pembawa virus *dengue*. Oleh karena itu, penyebaran penyakit DBD dapat dimodelkan mengikuti model *host-vector*. Keberadaan vektor nyamuk *Aedes Aegypti*, sangat mempengaruhi penyebaran dan jumlah kasus terjadinya penyakit DBD. Suhu atau temperatur udara merupakan salah satu faktor lingkungan yang mempengaruhi kehidupan nyamuk *Aedes Aegypti*. Dalam penelitian ini akan dilakukan konstruksi model transmisi penyebaran penyakit Demam Berdarah dengan Model SEIR-SEI yang dipengaruhi oleh suhu. Selanjutnya dilakukan analisis dinamik dari model transmisi penyakit DBD yang dipengaruhi oleh suhu dari nyamuk ke manusia. Dengan menggunakan software matematika *Maple 17*, diperoleh hasil simulasi numerik Model SEIRS-SEI menunjukkan bahwa suhu sangat mempengaruhi penurunan atau peningkatan populasi nyamuk terhadap penyebaran penyakit demam berdarah.

Kata Kunci: Demam Berdarah *Dengue*, Model SEIRS-SEI, Suhu

Abstract

Dengue Fever (DHF) is a contagious disease caused by the dengue virus and transmitted through mosquito bites. This disease develops in many tropical and sub-tropical areas such as Indonesia. There are two populations of living things that are involved in the spread of dengue, namely humans, called the host and female Aedes aegypti mosquitoes, which are known as vectors of the dengue virus. Therefore, the spread of dengue can be modeled following the host-vector model. The existence of the Aedes Aegypti mosquito vector greatly affects the spread and number of cases of dengue fever. Temperature or air temperature is one of the environmental factors that affect the life of the Aedes Aegypti mosquito. In this study, the construction of a model of transmission of the spread of Dengue Fever with the SEIR-SEI Model which is one of the environmental factors that affect the life of the Aedes Aegypti mosquito. In this study, the construction of a model of transmission of the spread of Dengue Fever with the SEIR-SEI Model which is influenced by temperature will be constructed. Furthermore, a dynamic analysis of the dengue transmission model which is influenced by temperature from mosquitoes to humans is carried out.

By using the Maple 17 mathematical software, the numerical simulation results of the SEIRS-SEI Model show that temperature greatly affects the decline or increase in mosquito populations against the spread of dengue fever.

Keywords: *Dengue Hemorrhagic Fever, Model SEIRS-SEI, Temperature*

1. Pendahuluan

Salah satu jenis penyakit yang sangat berbahaya dan dapat menyebabkan kematian bagi sang penderita adalah penyakit Demam Berdarah (DBD). Penyakit DBD adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus *dengue* dan ditularkan melalui gigitan nyamuk yang ditandai dengan demam mendadak pada penderita antara 2 sampai 7 hari tanpa penyebab yang jelas, lesu, gelisah, nyeri ulu hati, bintik pada kulit, ruam, kadang mimisan dan kesadaran menurun [6].

Penyakit ini banyak berkembang di daerah tropis dan sub-tropis seperti Indonesia. Terhitung sejak tahun 1968 hingga tahun 2009, *World Health Organization (WHO)* mencatat negara Indonesia sebagai negara dengan kasus DBD tertinggi di Asia Tenggara. Jumlah penderita dan luas daerah penyebarannya semakin bertambah seiring dengan meningkatnya kepadatan penduduk [1].

Penyakit DBD disebarkan melalui gigitan nyamuk. Di Indonesia vektor utama penyakit DBD adalah nyamuk *Aedes aegypti* dan vektor sekundernya adalah *Aedes albopictus*. Kepadatan vektor ini di lingkungan manusia menyebabkan meningkatnya probabilitas penularan virus *dengue* terhadap manusia [3]. Menurut data Direktorat Jenderal Pengendalian dan Penyehatan Lingkungan pada tahun 2009 dilaporkan data kasus DBD di Indonesia sebesar 158.912 kasus [1].

Belum ditemukan pengobatan khusus dan

vaksin untuk DBD. Saat ini, pengembangan vaksin sedang dilakukan dan analisis efektivitas diselidiki [4]. Tanpa ketersediaan obat dan vaksin, satu-satunya cara untuk mencegah penularan virus *dengue* yaitu membasmi nyamuk yang menjadi pembawa virus *dengue* [5]. Keberadaan vektor nyamuk *Aedes Aegypti*, sangat mempengaruhi penyebaran dan jumlah kasus terjadinya penyakit ini. Jumlah populasi vektor sangat di tentukan oleh suhu.

Suhu atau temperatur udara merupakan salah satu faktor lingkungan yang mempengaruhi kehidupan nyamuk *Aedes Aegypti*. Nyamuk *Aedes Aegypti* akan meletakkan telurnya pada suhu udara sekitar 20 °C – 30 °C. Nyamuk dapat hidup pada suhu rendah tetapi proses metabolismenya menurun atau bahkan berhenti apabila suhu turun sampai di bawah suhu kritis. Pada suhu lebih tinggi dari 35 °C juga mengalami perubahan dalam arti lebih lambatnya proses-proses fisiologi, rata-rata suhu optimum untuk pertumbuhan nyamuk adalah 25 – 27 °C. Pertumbuhan nyamuk akan berhenti sama sekali pada suhu kurang dari 10 °C atau lebih dari 40 °C. Kecepatan perkembangan nyamuk tergantung dari kecepatan proses metabolismenya [6].

Yang HM dan Ferreira [7] menyatakan bahwa pengetahuan tentang bagaimana jumlah populasi nyamuk berubah sesuai dengan perubahan suhu yang terjadi sangat membantu dalam pemilihan strategi yang tepat dalam pengendalian penyakit

Demam Berdarah Dengue (DBD). Suhu sangat mempengaruhi penurunan atau peningkatan populasi nyamuk. Secara luas, temperatur atau suhu berdampak pada seluruh siklus kehidupan nyamuk yang meliputi telur, larva, kepompong dan nyamuk dewasa. Telur yang diletakan dalam air akan menetas 1 sampai 3 hari pada suhu 30 °C, tetapi pada temperatur 16 °C dibutuhkan waktu selama 7 hari agar telur menetas [6].

Meskipun suhu berpengaruh pada seluruh siklus kehidupan nyamuk, namun perhatian utama yang menjadi kajian dalam artikel ini lebih dikhususkan pada pengaruh suhu terhadap kematian harian nyamuk dalam kaitannya dengan dampaknya terhadap penularan penyakit Demam Berdarah (DBD) dari nyamuk kepada manusia.

2. Landasan Teori

2.1. Demam Berdarah dan Suhu

Sejak pertama ditemukannya penyakit Demam Berdarah hingga saat ini, terdapat 4 serotipe virus penyebab DBD yaitu DEN-1, DEN-2, DEN-3, dan DEN-4 [8]. Penularan DBD kepada manusia terjadi melalui hewan perantara nyamuk *Aedes Aegypti* betina. Kasus DBD diklasifikasikan dalam 3 kasus yaitu *Dengue* tanpa tanda bahaya (*Dengue without warning signs*), *Dengue* dengan tanda bahaya (*Dengue with warning signs*), dan *Dengue* berat (*severe Dengue*) [5].

Kriteria *Dengue* tanpa tanda bahaya adalah mual, muntah, ruam, sakit dan nyeri, uji torniket positif, serta lekopenia. Pada *dengue* dengan tanda bahaya gejalanya sama dengan gejala DBD tanpa tanda bahaya diikuti dengan nyeri perut,

muntah berkepanjangan, terdapat akumulasi cairan, pendarahan mukosa, letargi, lemah, pembesaran hati > 2 cm dan kenaikan hematokrit seiring dengan penurunan jumlah trombosit yang relatif cepat. Sedangkan, kriteria kasus *Dengue* berat yaitu kebocoran plasma berat yang dapat menyebabkan *shock* (*Dengue shock syndrome/DSS*), akumulasi cairan dengan distress pernafasan, pendarahan hebat (sesuai pertimbangan klinis), gangguan kesadaran, gangguan hati dan organ berat lainnya yang ditandai dengan Aspartat Aminotransferase (AST) atau Alanin Aminotransferase (ALT) ≥ 1000 [5]. ALT akan dikeluarkan apabila sel hati mengalami kerusakan, sedangkan jika AST keluar maka bukan hanya sel hati yang mengalami kerusakan, tetapi juga sel pada organ jantung.

Ada dua populasi makhluk hidup yang terlibat dalam penyebaran penyakit Demam Berdarah (DBD) yaitu manusia yang disebut *host* dan nyamuk *Aedes Aegypti* betina yang disebut sebagai *vector* pembawa virus dengue. Oleh karena itu, penyebaran penyakit DBD dapat dimodelkan mengikuti model *host-vector*.

Penularan penyakit DBD pada manusia yang selanjutnya disebut *host*, terjadi melalui gigitan nyamuk (*vector*) yang terinfeksi. *Host* yang sehat tidak akan sakit selama tidak ada interaksi dengan *vector* terinfeksi. Pada umumnya *host* akan mengalami masa inkubasi setelah 10 kali digigit oleh *vector* terinfeksi virus dengue [10]. *Host* akan mengalami masa inkubasi selama 7 – 10 hari [11]. Pada masa inkubasi, virus berkembang dalam tubuh *host*, namun belum mampu menginfeksi *vector* yang menggigitnya.

Lalu muncul gejala-gejala DBD yang menandakan bahwa virus *Dengue* sudah beredar di dalam darah *host*. Pada masa ini *host* disebut sedang mengalami sakit DBD yang berlangsung sekitar 7 – 14 hari dan mampu menularkan virus *Dengue* pada *vector* yang menggigitnya (masa *vireumia*). Masa *recovery* biasanya dimulai pada hari ke-8 setelah muncul gejala pertama dan berlangsung sekitar satu minggu. Kesembuhan dari penyakit DBD akan menyebabkan kekebalan terhadap jenis virus *Dengue* yang menginfeksi, tetapi malah menyebabkan *host* lebih rentan terhadap jenis-jenis virus *Dengue* lainnya [12, 13]. Berdasarkan proses yang dilalui *host*, maka *host* dapat dibagi menjadi 4 kompartemen yaitu *susceptible host* (S_h), *exposed host* (E_h), *infected host* (I_h) dan *recovered host* (R_h).

2.2. Kompartemen Manusia dan Nyamuk

Populasi manusia dibagi kedalam empat kompartemen yaitu:

a. Populasi manusia sehat dan rentan / $S_h(t)$

Jumlah manusia yang sehat dan tergolong rentan terserang virus *Dengue* (penyakit demam berdarah) bertambah karena adanya rata-rata kelahiran manusia sebanyak A_h manusia persatuan waktu dan jumlah manusia yang sembuh sebesar $\omega_h R_h$ manusia persatuan waktu. Kemudian berkurang karena adanya kematian alami sebanyak $\mu_h S_h$ manusia persatuan waktu. Jumlah manusia yang terinkubasi adalah sebanyak $\frac{b P_h I_v S_h}{N_h}$ manusia persatuan waktu yang selanjutnya disebut *exposed*.

b. Populasi manusia inkubasi / $E_h(t)$

Manusia inkubasi adalah manusia yang terinfeksi tetapi belum dapat menginfeksi nyamuk sehat dan rentan. Populasi manusia inkubasi (*exposed*) bertambah karena adanya transmisi virus dari nyamuk ke manusia yang terjadi karena adanya gigitan nyamuk terinfeksi kepada manusia sehat dan rentan. Banyaknya manusia terinkubasi adalah sebesar $\frac{b P_h I_v S_h}{N_h}$ manusia persatuan waktu.

c. Populasi manusia terinfeksi / $I_h(t)$

Populasi manusia terinfeksi dan dapat menginfeksi, bertambah karena hasil transmisi alami dari manusia terinkubasi menjadi manusia terinfeksi dengan laju ε_h persatuan waktu atau sebanyak $\varepsilon_h E_h$ manusia persatuan waktu.

d. Populasi manusia sembuh dan kebal sementara (*recovered*) / $R_h(t)$

Populasi manusia *recovered* bertambah karena hasil transmisi dari manusia terinfeksi yang mengalami kesembuhan dan kebal sementara dengan laju δ_h persatuan waktu atau sebanyak $\delta_h I_h$ manusia persatuan waktu. Populasi ini berkurang karena telah habisnya masa kekebalan sehingga menjadi sehat dan rentan dengan laju ω_h persatuan waktu atau sebanyak $\omega_h R_h$ manusia persatuan waktu.

3. Hasil Dan Pembahasan

3.1. Konstruksi Model Matematika

Manusia *susceptible* yang tertular virus *dengue* akan mengalami masa inkubasi selama 7 – 10 hari sebelum menjadi manusia *infected*. Demikian pula, nyamuk *susceptible* akan mengalami masa inkubasi selama 4 – 7 hari

setelah menggigit manusia *infected* [11]. Kesembuhan manusia dari penyakit DBD menyebabkan kekebalan terhadap jenis virus *dengue* yang menginfeksi tetapi malah menyebabkan lebih rentan terhadap jenis virus *dengue* lainnya [12, 13].

Berdasarkan fakta-fakta di atas, model Esteva dan Vargas kemudian penulis kembangkan menjadi model SEIRS – SEI, (*Susceptible, Exposed, Infected and Recovered*) untuk manusia (*host*) dan (*Susceptible, Eksposed and Infected*) untuk nyamuk (*vector*) dengan adanya pengaruh suhu yang mempengaruhi kematian nyamuk. Interaksi yang terjadi antara *host* dan *vector* selanjutnya dimodelkan secara matematika dengan menggunakan asumsi-asumsi tertentu untuk menyederhanakan model, dengan tetap merepresentasikan keadaan yang sebenarnya.

Asumsi-asumsi yang digunakan adalah sebagai berikut:

1. Tingkat kelahiran populasi manusia dan populasi nyamuk bersifat konstan.
2. Manusia merupakan sumber makanan satu-satunya bagi nyamuk. Hal ini berarti nyamuk mendapatkan makanan (darah) dengan cara menggigit manusia, dan bukan dari hewan atau makhluk hidup lainnya.
3. Setiap nyamuk *Aedes aegypti* hanya mentransmisikan satu jenis virus *dengue*.
4. Infeksi pada manusia hanya terjadi jika nyamuk terinfeksi menggigit manusia *susceptible*. Demikian pula sebaliknya, infeksi pada nyamuk hanya terjadi jika

manusia terinfeksi digigit oleh nyamuk *susceptible*.

5. Manusia yang telah sembuh diasumsikan kebal untuk sementara waktu, kemudian kembali menjadi individu *susceptible*.
6. Tidak ada proses bebas dari virus pada nyamuk.
7. Tidak ada kematian karena penyakit DBD pada manusia. Kematian yang terjadi diasumsikan karena kematian alami.
8. Tidak ada kematian karena virus *Dengue* pada nyamuk. Kematian yang terjadi adalah kematian yang dipengaruhi oleh temperatur.

Melengkapi skenario dan asumsi-asumsi di atas, perlu didefinisikan kompartemen dan parameter yang diperlukan. Agar memiliki makna biologi, nilai-nilai dari kompartemen dan parameter berikut ini ditetapkan non negatif.

Variabel yang digunakan sebagai nama dari kompartemen untuk mengkonstruksi model dapat dilihat pada Tabel 3.1 berikut:

Tabel 1. Variabel dari kompartemen yang digunakan pada model

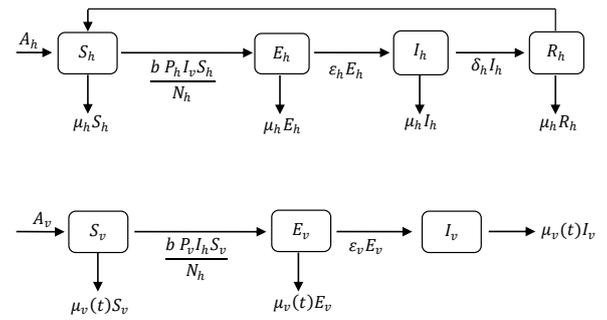
Variabel	Deskripsi Kompartemen	Satuan
$S_h(t)$	Manusia <i>Susceptible</i>	Manusia
$E_h(t)$	Manusia <i>Exposed</i>	Manusia
$I_h(t)$	Manusia <i>Infected</i>	Manusia
$R_h(t)$	Manusia <i>Recovered</i>	Manusia
$S_v(t)$	Nyamuk <i>Susceptible</i>	Ekor
$E_v(t)$	Nyamuk <i>Exposed</i>	Ekor
$I_v(t)$	Nyamuk <i>Infected</i>	Ekor

Parameter yang digunakan untuk mengkonstruksi model dapat dilihat pada Tabel 4.2 berikut:

Tabel 2. Daftar parameter model transmisi demam berdarah

Parameter	Keterangan	Satuan
A_h	Rata-rata kelahiran manusia <i>susceptible</i> persatuan waktu	Manusia/satuan waktu
b	Rata-rata banyak gigitan nyamuk persatuan waktu	Banyak gigitan /satuan waktu
P_h	Peluang kontak sukses mentransmisikan virus dari nyamuk terinfeksi ke manusia sehat	-
N_h	Total populasi manusia	Manusia
ω_h	Laju transisi dari manusia <i>recovered</i> menjadi manusia <i>Susceptible</i>	1/satuan waktu
μ_h	Laju kematian alami pada manusia persatuan waktu	1/satuan waktu
ϵ_h	Laju transisi dari manusia menjadi <i>exposed</i> manusia <i>infected</i> .	1/satuan waktu
δ_h	Laju transisi dari manusia menjadi <i>infected</i> manusia <i>recovered</i> .	1/satuan waktu
A_v	Rata-rata kelahiran nyamuk <i>susceptible</i> persatuan waktu	Nyamuk/satuan waktu
P_v	Peluang kontak sukses mentransmisikan virus dari manusia terinfeksi kepada nyamuk sehat.	1/satuan waktu
$\mu_v(t)$	Fungsi kematian harian nyamuk	1/satuan waktu
ϵ_v	Laju transisi dari nyamuk menjadi <i>exposed</i> nyamuk <i>infected</i> .	1/satuan waktu

Transmisi virus *Dengue* (penyebaran penyakit DBD) terjadi melalui interaksi antara S_h (manusia sehat dan rentan), E_h (manusia terinkubasi), I_h (manusia terinfeksi) dan R_h (manusia recovery) dengan S_v (nyamuk sehat dan rentan tertular virus), E_v (nyamuk terinfeksi virus namun masih dalam masa inkubasi) dan I_v (nyamuk terinfeksi). Transmisi penyakit DBD ini digambarkan dalam diagram interaksi berikut:



Gambar 3. Diagram kompartemen transmisi host-vektor DBD

Model *host-vektor* seperti pada Gambar 4.1 di atas, populasi $S_h, E_h, I_h, R_h, S_v, E_v$ dan I_v adalah suatu fungsi terhadap waktu t . Pada awalnya S_h berinteraksi dengan I_v , sehingga ketika transmisi virus DBD berhasil maka S_h menjadi E_h . Selama periode waktu tertentu, E_h akan berubah menjadi I_h . Selanjutnya I_h berpindah menjadi R_h (*recovery*). Pada selang waktu tertentu, R_h diasumsikan kehilangan kekebalannya dan menjadi populasi sehat yang rentan terinfeksi lagi oleh virus, sehingga masuk kembali ke kompartemen S_h . Sedangkan pada S_v , transmisi terjadi ketika S_v berinteraksi dengan I_h , sehingga ketika transmisi virus DBD berhasil maka S_v akan menjadi E_v . Selanjutnya, selama periode waktu tertentu, E_v akan berubah menjadi I_v .

Populasi nyamuk dibagi kedalam 3 kompartemen yaitu:

- a. Populasi nyamuk sehat dan rentan / $S_v(t)$

Jumlah nyamuk yang sehat dan tergolong rentan terserang virus bertambah karena adanya rata-rata kelahiran nyamuk sebanyak A_v nyamuk persatuan waktu.

- b. Populasi nyamuk inkubasi / $E_v(t)$

Nyamuk inkubasi adalah nyamuk terinfeksi tetapi belum dapat menginfeksi manusia sehat

dan rentan. Banyak nyamuk terinkubasi adalah sebesar $\frac{b P_v I_h S_v}{N_h}$ nyamuk persatuan waktu.

c. Populasi nyamuk terinfeksi / $I_v(t)$

Populasi nyamuk terinfeksi dan dapat menginfeksi, bertambah karena transmisi alami dari nyamuk terinkubasi menjadi nyamuk terinfeksi dengan laju ε_v persatuan waktu atau sebanyak $\varepsilon_v E_v$ nyamuk persatuan waktu.

Berdasarkan uraian di atas, dapat dikonstruksi model matematika perubahan jumlah populasi manusia dan nyamuk untuk setiap satuan waktu pada setiap kompartemen *host-vector* yaitu sebagai berikut:

$$\frac{dS_h}{dt} = A_h - \frac{b P_h I_v(t) S_h(t)}{N_h} + \omega_h R_h(t) - \mu_h S_h(t) \tag{1}$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \frac{b P_h I_v(t) S_h(t)}{N_h} - \varepsilon_h E_h(t) - \mu_h E_h(t) \tag{2}$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \varepsilon_h E_h(t) - \delta_h I_h(t) - \mu_h I_h(t) \tag{3}$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \delta_h I_h(t) - \omega_h R_h(t) - \mu_h R_h(t) \tag{4}$$

$$\frac{dS_v}{dt} = A_v - \frac{b P_v I_h(t) S_v(t)}{N_h} - \mu_v(t) S_v(t) \tag{5}$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \frac{b P_v I_h(t) S_v(t)}{N_h} - \varepsilon_v E_v(t) - \mu_v(t) E_v(t) \tag{6}$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \varepsilon_v E_v(t) - \mu_v(t) I_v(t) \tag{7}$$

Diasumsikan semua nilai parameter adalah positif, dapat ditulis sebagai berikut:

$$A_h > 0, b > 0, P_h > 0, \omega_h > 0, \mu_h > 0, \varepsilon_h > 0$$

$$\delta_h > 0, A_v > 0, P_v > 0, \varepsilon_v > 0$$

Demikian pula nilai fungsi $\mu_v(t)$ adalah $0 \leq \mu_v(t) \leq 1$.

Untuk menyederhanakan perhitungan, maka permasalahan model akan ditinjau pada nilai populasi manusia $N_h(t)$ dan populasi nyamuk $N_v(t)$ yang konstan. Dapat dituliskan sebagai

berikut:

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

dan

$$N_v(t) = S_v(t) + E_v(t) + I_v(t)$$

Dengan mengasumsikan laju kelahiran pada manusia sama dengan laju kematiannya (μ_h). Demikian pula, laju kelahiran pada nyamuk sama dengan laju kematiannya yang dipengaruhi oleh temperatur ($\mu_v(t)$). Sehingga banyak rata-rata kelahiran pada manusia dan nyamuk adalah:

$$A_h = \mu_h N_h(t) \text{ dan } A_v = \mu_v(t) N_v(t),$$

Ekivalen dengan:

$$N_h(t) = \frac{A_h}{\mu_h} \text{ dan } N_v(t) = \frac{A_v}{\mu_v(t)}$$

Titik Keseimbangan Model SEIRS – SEI Saat μ_v Konstan

Pada suhu Konstan, sistem (1) – (7) memiliki dua titik keseimbangan:

1. Titik Keseimbangan Non Endemik / Disease Free Equilibrium (DFE)

Titik keseimbangan DFE menggambarkan suatu keadaan populasi yang bebas dari penyakit atau infeksi. Pada titik keseimbangan DFE, I_h dan I_v bernilai nol sehingga pada titik tersebut dicapai keadaan bebas infeksi.

$$DFE = \{E_h = 0, E_v = 0, I_h = 0, I_v = 0, R_h = 0, S_h = \frac{A_h}{\mu_h}, S_v = \frac{A_v}{\mu_v}\}$$

Eksistensi titik keseimbangan non-endemik terjamin apabila tidak terdapat populasi di kompartemen terinfeksi ($I_h = I_v = 0$). Sedangkan, populasi di kompartemen sehat bernilai positif ($S_h, S_v > 0$).

2. Titik Keseimbangan Endemik

Titik keseimbangan endemik terjadi saat nilai I_h dan I_v positif. Didefinisikan:

$$R_0^4 = \frac{b^2 p_h \varepsilon_v \mu_h p_v \varepsilon_h A_v}{A_h \mu_v^2 (\delta_h + \mu_h) (\varepsilon_h + \mu_h) (\varepsilon_v + \mu_v)}$$

$$X = \varepsilon_h + \mu_h,$$

$$Y = \omega_h + \mu_h,$$

$$Z = \delta_h + \mu_h, \text{ dan}$$

$$W = \mu_h^2 + (\varepsilon_h + \omega_h + \delta_h) \mu_h + (\delta_h + \omega_h) \varepsilon_h + \omega_h \delta_h.$$

Sehingga diperoleh titik kesetimbangan endemik sebagai berikut:

$$E_h = \frac{(R_0^4 - 1) \mu_v^2 X Z^2 (\varepsilon_v + \mu_v) Y A_h^2}{p_v \mu_h (A_h X Y Z \mu_v^2 + A_h \varepsilon_v X Y Z \mu_v + \mu_h W p_h \varepsilon_v b A_v) b \varepsilon_h}$$

$$E_v = \frac{(R_0^4 - 1) \mu_v^2 X Z Y A_h}{\varepsilon_v (W \mu_v + b p_v \varepsilon_h Y) b \mu_h p_h}$$

$$I_h = \frac{(R_0^4 - 1) \mu_v^2 X Z (\varepsilon_v + \mu_v) Y A_h^2}{\mu_h^2 A_v p_h p_v b^2 \varepsilon_v W + \mu_v Y X Z (\varepsilon_v + \mu_v) p_v b \mu_h A_h}$$

$$I_v = \frac{(R_0^4 - 1) \mu_v X Z Y A_h}{(W \mu_v + b p_v \varepsilon_h Y) b \mu_h p_h}$$

$$R_h = \frac{(R_0^4 - 1) \mu_v^2 X Z (\varepsilon_v + \mu_v) \delta_h A_h^2}{\mu_h^2 A_v p_h p_v b^2 \varepsilon_v W + \mu_v Y X Z (\varepsilon_v + \mu_v) p_v b \mu_h A_h}$$

$$S_h = \frac{(W \mu_v + b p_v \varepsilon_h Y) (\varepsilon_v + \mu_v) Z X A_h^2 \mu_v}{(A_h X Y Z \mu_v^2 + A_h \varepsilon_v X Y Z \mu_v + \mu_h b \varepsilon_v p_h A_v W) \varepsilon_h \mu_h b p_v}$$

$$S_v = \frac{A_h X Y Z \mu_v^2 + A_h \varepsilon_v X Y Z \mu_v + \mu_h b \varepsilon_v p_h A_v W}{p_h (W \mu_v + b p_v \varepsilon_h Y) \mu_h \varepsilon_v b}$$

Eksistensi titik kesetimbangan endemik ini terjamin apabila seluruh populasi pada setiap kompartemen bernilai positif yaitu $S_h > 0, E_h > 0, I_h > 0, R_h > 0, S_v > 0, E_v > 0$ dan $I_v > 0$. Oleh karena itu, persamaan (4.1) – (4.7) memiliki titik kesetimbangan endemik yang terjamin ada apabila dipenuhi syarat $R_0^4 - 1 > 0$ atau ekuivalen dengan $R_0^4 > 1$.

3.2. Analisis Kestabilan Non-Endemik Model SEIRS-SEI Saat μ_v Konstan

Pada suhu konstan, kestabilan titik kesetimbangan *Disease Free Equilibrium* (DFE) dapat ditentukan berdasarkan nilai karakteristik

dari matriks jacobhi hasil pelinearan sistem (4.1) – (4.7) yang dievaluasi di sekitar titik kesetimbangan DFE. Matriks jacobhi yang dihasilkan yaitu:

$$Jac = \begin{bmatrix} -\mu_h & 0 & 0 & \omega_h & 0 & 0 & -b p_h \\ 0 & -\varepsilon_h - \mu_h & 0 & 0 & 0 & 0 & b p_h \\ 0 & \varepsilon_h & -\delta_h - \mu_h & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_h & -\omega_h - \mu_h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{b p_v A_v \mu_h}{\mu_v A_h} & 0 & -\mu_v & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{b p_v A_v \mu_h}{\mu_v A_h} & 0 & 0 & -\varepsilon_v - \mu_v & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \varepsilon_v & -\mu_v \end{bmatrix}$$

Nilai eigen dari matriks jacobian di atas:

$$\lambda_1 = -\mu_h$$

$$\lambda_2 = -(\mu_h + \omega_h)$$

$$\lambda_3 = -\mu_v$$

Nilai eigen selanjutnya yaitu $\lambda_4, \lambda_5, \lambda_6$ dan λ_7 dapat diperoleh dengan mencari nilai akar-akar dari persamaan:

$$a \lambda^4 + b \lambda^3 + c \lambda^2 + d \lambda + e = 0 \tag{8}$$

Dengan,

$$a = \mu_v A_h$$

$$b = \mu_v A_h (\delta_h + 2\mu_h + \varepsilon_h + \varepsilon_v + 2\mu_v)$$

$$c = (\mu_v^2 + (2\delta_h + \varepsilon_v + 4\mu_h + 2\varepsilon_h) \mu_v + \mu_h^2 + (2\varepsilon_v + \delta_h + \varepsilon_h) \mu_h + (\varepsilon_v + \delta_h) \varepsilon_h + \varepsilon_v \delta_h) \mu_v A_h$$

$$d = ((\varepsilon_h + 2\mu_h + \delta_h) \mu_v^2 + (2\mu_h^2 + (2\varepsilon_v + 2\varepsilon_h + 2\delta_h) \mu_h + (\delta_h + \varepsilon_h) \varepsilon_v + 2\varepsilon_h \delta_h) \mu_v + \varepsilon_v (\varepsilon_h + \mu_h) (\delta_h + \mu_h) \mu_v A_h$$

$$e = A_h (\varepsilon_h + \mu_h) (\delta_h + \mu_h) \mu_v^3 + A_h \varepsilon_v (\varepsilon_h + \mu_h) (\delta_h + \mu_h) \mu_v^2 - b^2 p_h \varepsilon_v \mu_h A_v p_v \varepsilon_h$$

Diperoleh nilai eigen $\lambda_1, \lambda_2,$ dan λ_3 adalah bernilai negatif. Selanjutnya, jika akar-akar dari persamaan (8) bernilai negatif ($\lambda_4 < 0, \lambda_5 < 0, \lambda_6 < 0$ dan $\lambda_7 < 0$) maka titik kesetimbangan

non-endemik bersifat stabil.

Pada persamaan (8), agar akar-akar yang diperoleh bernilai negatif ($\lambda_4 < 0, \lambda_5 < 0, \lambda_6 < 0$ dan $\lambda_7 < 0$) maka mesti dipenuhi kondisi berikut:

1. $\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 + \lambda_7 = -\frac{b}{a}$
2. $\lambda_4\lambda_5 + \lambda_4\lambda_6 + \lambda_4\lambda_7 + \lambda_5\lambda_6 + \lambda_5\lambda_7 + \lambda_6\lambda_7 = \frac{c}{a}$
3. $\lambda_4\lambda_5\lambda_6 + \lambda_4\lambda_5\lambda_7 + \lambda_5\lambda_6\lambda_7 + \lambda_4\lambda_6\lambda_7 = -\frac{d}{a}$
4. $\lambda_4\lambda_5\lambda_6\lambda_7 = \frac{e}{a}$

karena nilai $a > 0, b > 0, c > 0$ dan $d > 0$ maka syarat perlu agar titik kesetimbangan non-endemik stabil adalah $e > 0$. Sehingga kondisi nilai eigen $\lambda_4 < 0, \lambda_5 < 0, \lambda_6 < 0$ dan $\lambda_7 < 0$ akan memenuhi kondisi:

1. $\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 + \lambda_7 < 0$
2. $\lambda_4\lambda_5 + \lambda_4\lambda_6 + \lambda_4\lambda_7 + \lambda_5\lambda_6 + \lambda_5\lambda_7 + \lambda_6\lambda_7 > 0$
3. $\lambda_4\lambda_5\lambda_6 + \lambda_4\lambda_5\lambda_7 + \lambda_5\lambda_6\lambda_7 + \lambda_4\lambda_6\lambda_7 < 0$
4. $\lambda_4\lambda_5\lambda_6\lambda_7 > 0$

Karena $e > 0$, diperoleh:

$$\frac{b^2 p_h \varepsilon_v \mu_h p_v \varepsilon_h A_v}{A_h \mu_v^2 (\delta_h + \mu_h) (\varepsilon_h + \mu_h) (\varepsilon_v + \mu_v)} < 1$$

Ekivalen dengan:

$$R_0^4 = \frac{b^2 p_h \varepsilon_v \mu_h p_v \varepsilon_h A_v}{A_h \mu_v^2 (\delta_h + \mu_h) (\varepsilon_h + \mu_h) (\varepsilon_v + \mu_v)} < 1.$$

Jadi, titik kesetimbangan non-endemik akan stabil jika $R_0^4 < 1$.

3.3. Next Generation Matrix dan Basic Reproduction Number Model SEIRS-SEI Saat μ_v Konstan

Pada suhu konstan, matriks NGM untuk sistem (4.1) – (4.7) di atas adalah sebagai berikut:

$$NGM = \begin{bmatrix} 0 & 0 & \frac{\varepsilon_h}{\varepsilon_h + \mu_h} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{\varepsilon_v}{\varepsilon_v + \mu_v} \\ 0 & \frac{b p_h}{\mu_v} & 0 & 0 \\ \frac{b p_v A_v \mu_h}{\mu_v A_h (\delta_h + \mu_h)} & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Nilai-nilai entri pada matriks NGM di atas memberikan gambaran sebagai berikut:

1. Entri $\frac{\varepsilon_h}{\varepsilon_h + \mu_h}$ menginterpretasikan bahwa sebesar ε_h bertransisi menjadi manusia terinfeksi (I_h) selama periode waktu $\frac{1}{\varepsilon_h + \mu_h}$.
2. Entri $\frac{\varepsilon_v}{\varepsilon_v + \mu_v}$ menginterpretasikan bahwa sebesar ε_v bertransisi menjadi nyamuk terinfeksi (I_v) selama periode waktu $\frac{1}{\varepsilon_v + \mu_v}$.
3. Entri $\frac{b p_h}{\mu_v}$ menginterpretasikan bahwa satu nyamuk terinfeksi (I_v) dapat menghasilkan sebanyak $b p_h$ inkubasi baru pada kompartemen manusia terinkubasi (ε_h) selama periode waktu $\frac{1}{\mu_v(t)}$.
4. Entri $\frac{b p_v A_v \mu_h}{\mu_v A_h (\delta_h + \mu_h)}$ menginterpretasikan bahwa satu manusia terinfeksi (I_h) dapat menghasilkan sebanyak $\frac{b p_v A_v \mu_h}{\mu_v A_h}$ inkubasi baru pada kompartemen nyamuk terinkubasi (ε_v) selama periode waktu $\frac{1}{\delta_h + \mu_h}$.

Polinomial karakteristik dari matriks NGM :

$$P(\lambda) = \lambda^4 A_h (\varepsilon_h + \mu_h) (\delta_h + \mu_h) \mu_v^2 (\varepsilon_v + \mu_v) - b^2 p_h \varepsilon_v \mu_h A_v p_v \varepsilon_h$$

Dengan demikian nilai eigen terbesar yang menyatakan R_0 yaitu:

$$R_o = \sqrt[4]{\frac{b^2 p_h \epsilon_v \mu_h A_v p_v \epsilon_h}{A_h (\epsilon_h + \mu_h) (\delta_h + \mu_h) \mu_v^2 (\epsilon_v + \mu_v)}}$$

3.4. Simulasi Numerik Model SEIRS – SEI

Nilai parameter yang digunakan dapat dilihat pada Tabel 4. berikut:

Tabel 4. Nilai parameter simulasi numerik

A_h	ω_h	μ_h	b	p_v	δ_h	p_h	ϵ_v	ϵ_h
1000	1	1	1,5	0,1	$\frac{1}{21}$	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{7}$	$\frac{1}{10}$
$\frac{65 \times 365}{65 \times 365}$	$\frac{1}{14}$	$\frac{1}{65 \times 365}$						

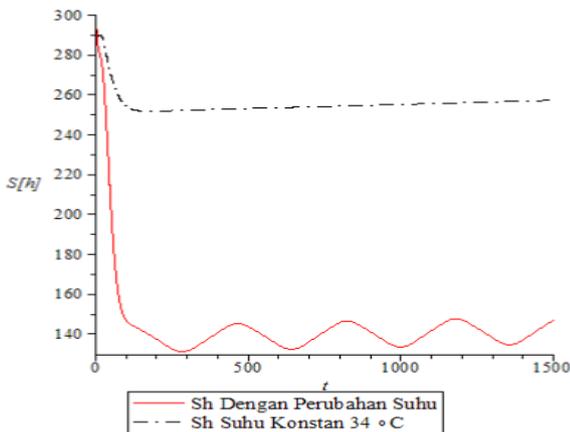
Nilai awal yang dipilih dapat dilihat pada tabel 5 berikut.

Tabel 5. Nilai awal untuk setiap kompartemen

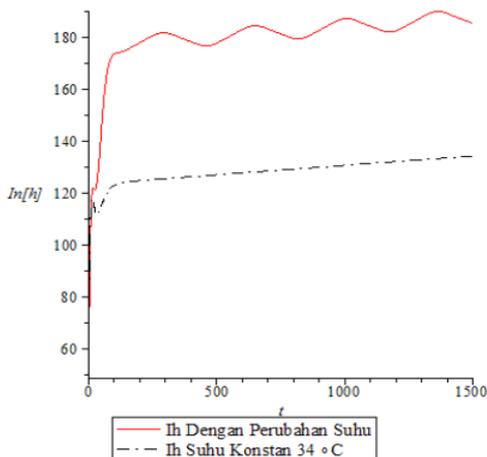
$S_h(0)$	$E_h(0)$	$I_h(0)$	$R_h(0)$	$S_v(0)$	$E_v(0)$	$I_v(0)$
300	150	50	15	10	5	100

➤ Hasil simulasi perubahan populasi manusia

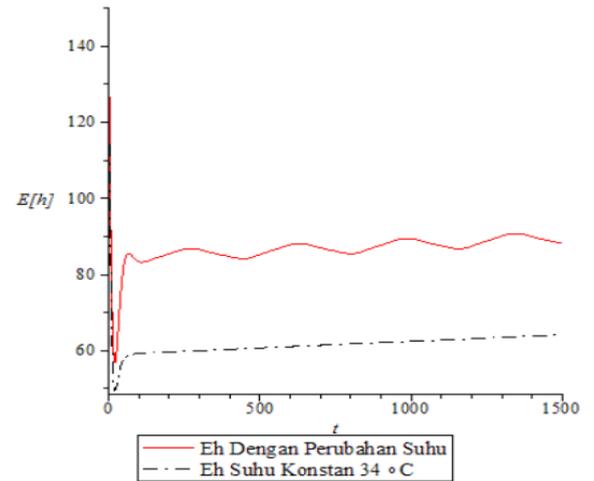
(a). Manusia Susceptible



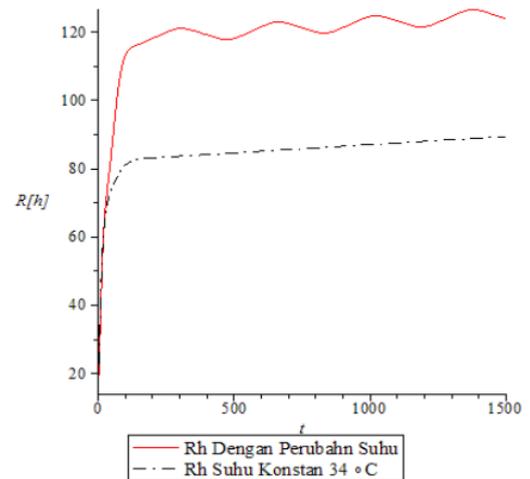
(b). Manusia Eksposed



(c). Manusia Infected



(d). Manusia Recovered

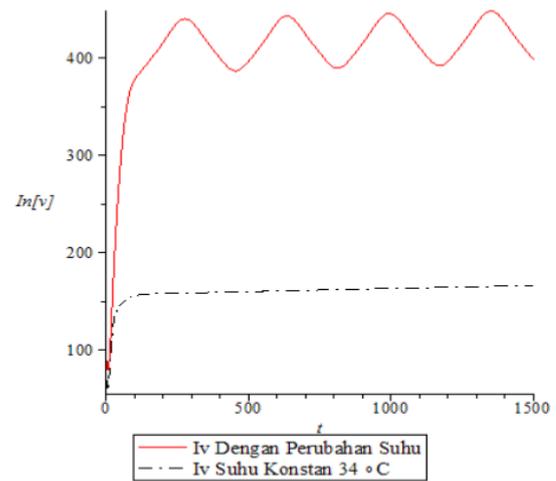
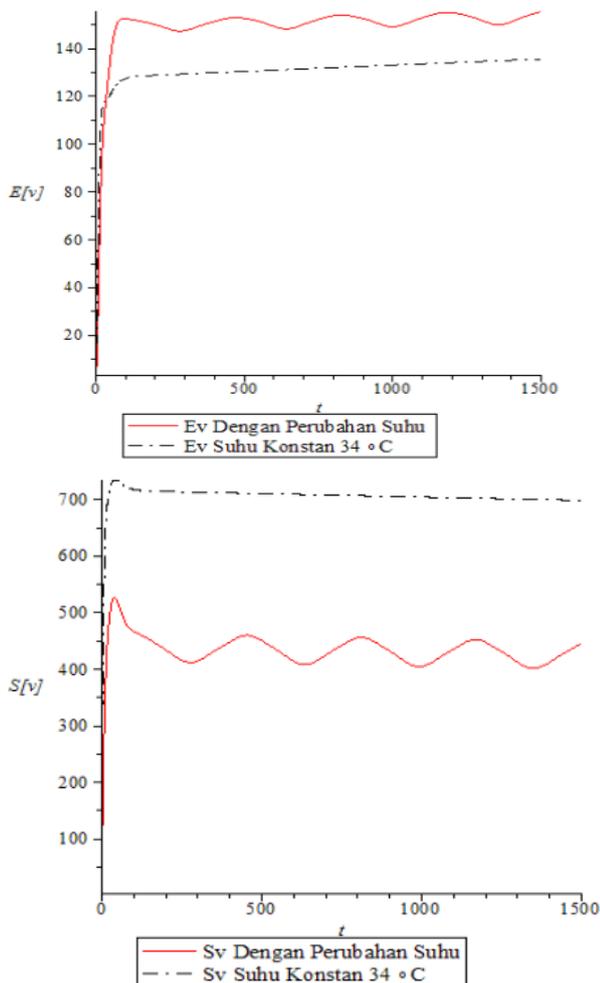


Gambar 6. Perubahan populasi manusia terhadap waktu

Gambar 6. memperlihatkan tentang perubahan populasi manusia dengan adanya perubahan suhu yang ditunjukkan grafik berwarna merah dan pada suhu konstan yaitu 34 °C yang ditunjukkan grafik berwarna hitam. Berdasarkan nilai parameter yang dipilih terlihat grafik laju perubahan jumlah populasi manusia dengan adanya variasi perubahan suhu, manusia *susceptible* pada gambar 1.(a) berfluktuasi antara 130 – 150 orang, manusia *eksposed* gambar 1.(b) berfluktuasi antara 80 – 90 orang, manusia *infected* pada gambar 3.(c) berfluktuasi antara

170 – 190 orang dan jumlah populasi untuk manusia *recovered* pada gambar 4.(d) berfluktuasi antara 100 – 120. Akan tetapi pada suhu konstan yaitu 34 °C manusia *susceptible* menjadi lebih banyak yaitu stabil di 250 orang. Manusia *exposed* lebih sedikit yaitu stabil di 60 orang. Manusia *infected* juga lebih sedikit yaitu stabil di 120 orang. Demikian pula manusia *recovered* stabil di 85 orang. Meningkatnya manusia *susceptible* dan menurunnya manusia *eksposed*, *infected* serta *recovered* disebabkan karena pada suhu 34 °C banyak nyamuk yang mati sehingga manusia teringkubasi dan terinfeksi akan lebih sedikit.

➤ Hasil simulasi perubahan populasi nyamuk



Gambar 7. Perubahan populasi nyamuk terhadap waktu

Gambar 7. memperlihatkan tentang perubahan populasi nyamuk dengan adanya perubahan suhu yang ditunjukkan grafik berwarna merah dan pada suhu konstan yaitu 34 °C yang ditunjukkan grafik berwarna hitam. Berdasarkan nilai parameter yang dipilih terlihat grafik laju perubahan jumlah populasi nyamuk dengan adanya variasi perubahan suhu, nyamuk *susceptible* pada gambar 2.(a) berfluktuasi antara 400 – 500 ekor, nyamuk *eksposed* gambar 2.(b) berfluktuasi antara 140 – 150 ekor dan jumlah nyamuk *infected* pada gambar 2.(c) berfluktuasi antara 350 – 450 ekor. Akan tetapi pada suhu konstan yaitu 34 °C nyamuk *susceptible* menjadi lebih banyak yaitu stabil di 700 orang. Nyamuk *exposed* lebih sedikit yaitu stabil di 130 ekor dan nyamuk *infected* juga lebih sedikit yaitu stabil di 150 ekor. Perubahan populasi nyamuk *susceptible* pada suhu 34 °C menjadi lebih banyak disebabkan karena pada suhu ini manusia *infected* menjadi lebih sedikit, sehingga nyamuk *ekspose*, dan *infected* berkurang yang mengakibatkan nyamuk *susceptible* menjadi lebih banyak.

4. Kesimpulan Dan Saran

Berdasarkan hasil penelitian model matematika SEIRS-SEI pada penyebaran penyakit demam berdarah dengan pengaruh suhu diperoleh kesimpulan sebagai berikut:

1. Dari fenomena yang ada, diperoleh konstruksi model matematika perubahan jumlah populasi manusia dan nyamuk untuk setiap satuan waktu pada setiap kompartemen *host-vector* berupa sistem persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\frac{dE_h}{dt} = \frac{bP_h I_v(t) S_h(t)}{N_h} - \varepsilon_h E_h(t) - \mu_h E_h(t)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \varepsilon_h E_h(t) - \delta_h I_h(t) - \mu_h I_h(t)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \delta_h I_h(t) - \omega_h R_h(t) - \mu_h R_h(t)$$

$$\frac{dS_v}{dt} = A_v - \frac{bP_v I_h(t) S_v(t)}{N_h} - \mu_v(t) S_v(t)$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \frac{bP_v I_h(t) S_v(t)}{N_h} - \varepsilon_v E_v(t) - \mu_v(t) E_v(t)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \varepsilon_v E_v(t) - \mu_v(t) I_v(t)$$

2. Dari hasil simulasi numerik model SEIRS-SEI untuk perubahan populasi manusia, pada suhu 34 °C banyak nyamuk yang mati. Hal ini mengakibatkan manusia *susceptible* meningkat dan manusia *eksposed*, *infected*, serta *recovered* menurun. Begitu juga untuk hasil simulasi perubahan populasi nyamuk, pada suhu 34 °C manusia *infected* sedikit, sehingga populasi nyamuk *eksposed* dan *infected* berkurang yang mengakibatkan nyamuk *susceptible* menjadi lebih banyak.

5. Ucapan Terima Kasih

Pada kesempatan kali ini penulis mengucapkan terima kasih kepada pihak-pihak terkait yang telah membantu dalam penyelesaian penelitian ini.

Daftar Pustaka

- [1] U.Fachmi, dkk. *Buletin Jendela Epidemiologi: Demam Berdarah Dengue*, Pusat Data dan Surveilans Epidemiologi Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, Vol. 2. 2010.
- [2] WHO. Fact Sheet No. 177: *Dengue Guidelines For Diagnosis, Treatment, Prevention, and Control*, 2009.
- [3] C. A. Purnomo. *Dinamika Penularan Penyakit Demam Berdarah Dengue Di Kecamatan Duren Sawit Kota Madya Jakarta Timur Tahun 2010*. Tesis. Universitas Indonesia. 2010.
- [4] D. S. Sephard, J. A. Suaya, S. B. Halstead, M. B. Nathan, D. J. Gubler, R. T. Mahoney, D. N. C. Wang, dan M. I. Meltzer, *Cost-effectiveness of a pediatric dengue vaccine*. *Vaccine* **22**, 1275-1280. 2004.
- [5] WHO, *WHO Fact sheet No. 117, 2009: Dengue and dengue haemorrhagic fever*, WHO, New York, 2009.
- [6] A. Sitio. *Hubungan Perilaku Tentang Pemberantasan Sarang Nyamuk dan Kebiasaan Keluarga Dengan Kejadian Demam Berdarah Dengue Di Kecamatan Medan Perjuangan Kota Medan Tahun 2008*. Tesis. Universitas Diponegoro. 2008.
- [7] H. M. Yang, M. L. G. Macoris, K. C. Galfani, M. T. M. Andri Ghetti, dan D. M. V. Wanderley. *Assesing The Effects of Temperature on The Population of Aedes Aegypti, The Vector of Dengue*. Cambridge University Press. 2009.
- [8] WHO, *WHO Fact sheet No. 117. Dengue and severe dengue*. 2015.
- [9] Indrawan. *Mengenal dan Mencegah Demam Berdarah*. Bandung. Pioner Jaya. 2001.
- [10] D. Aldila. *Model Matematika Demam Berdarah: Kajian Pengendalian dan Penanggulangan*. Disertasi. Institut

- Teknologi Bandung. 2014.
- [11] Y. Yaacob, S. H. Yeak, R. S. Lim, dan E. Soewono. *A Delay Differential Equation Model for Dengue Transmission with Regular Visits to a Mosquito Breeding Site*. *AIP Conference Proceedings*. **1651**, 153. 2015.
- [12] N. Nuraini, E. Soewono, dan K. A. Sidarto. *Mathematical Model of Dengue Disease Transmission With Severe DHF Compartment*. *Bull. Malay. Math. Sci. Soc.* 30, 143 – 157. 2007.
- [13] N. Nuraini dan H. Tasman. *Simulation Model For Dengue Infection*. *International Jurnal Of Basic And Applied Sciences IJBAS – IJENS* Vol: 12 No: 01. 2012.
- [14] M. Zevika. *Model Molekular Penyebaran Demam Berdarah Dengue*. Tesis. Institut Teknologi Bandung. 2015.
- [15] J. Helmersson. *Mathematical Modeling Of Dengue – Temperatur Effect On Vectorial Capacity*. Master Thesis. UMEA Universitet. 2012.
- [16] M. N. Nabie. *Studies On The Development And Survival Of Anopheles Gambiae Sensu Stricto At Various Temperatures And Relative Humidities*. Durham E-Theses. Durham University. 2001.
- [17] V. Elmert, A. H. Fink, A. E. Jones, A. P. Morse. *Development Of A New Version Of The Liverpool Malaria Model. I. Refining The Parameter Settings And Mathematical Formulation Of Basic Processes Based On A Literature Review*. *Malaria Journal*, **10**:35. 2011.
- [18] L. Esteva dan C. Vargas. *Analaysis Of A Dengue Disease Transmission Model*. *Math. Biosci.*, 150, 130 – 151. 1998.