

ANALISIS MODEL MATEMATIKA SIR-SI TERHADAP PENULARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH

ANALYSIS OF SIR-SI MATHEMATICAL MODEL OF DENGUE FEVER TRANSMISSION

Angelina Novryance Tarapang¹, Sila Rizqina², M. Afief Balya³, Pardi Affandi^{4§}

¹Universitas Lambung Mangkurat dan Jl. A. Yani KM.36 [angelinanovryance12@gmail.com]

²Universitas Lambung Mangkurat dan Jl. A. Yani KM.36 [silarzqna@gmail.com]

³Universitas Lambung Mangkurat dan Jl. A. Yani KM.36 [afiefbalya@gmail.com]

⁴Universitas Lambung Mangkurat dan Jl. A. Yani KM.36 [p_affandi@ulm.ac.id]

[§]Corresponding Author

Received 17th May 2024; Accepted 22th Nov 2024; Published 10th Des 2024;

Abstrak

Penyakit Demam Berdarah Dengue adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus Dengue dan ditularkan melalui gigitan nyamuk *Aedes Aegypti*. Faktor penyebabnya adalah kurangnya pemahaman masyarakat mengenai gejala-gejala penyakit DBD serta cara menanggulangnya[1]. Pada penelitian ini, model epidemik yang digunakan adalah model SIR dengan asumsi bahwa penyemprotan (*fogging*), pendistribusian bubuk temephos dan sosialisasi 3M Plus, serta meningkatkan kegiatan *fogging* pada pemberantasan sarang nyamuk sebelum masa penularan (SMP) dapat digunakan sebagai upaya pencegahan kontak antara populasi manusia rentan dengan nyamuk yang terinfeksi, pengobatan dilakukan dengan individu yang terinfeksi, dan isolasi dilakukan bagi individu terinfeksi agar tidak terjadi kontak dengan nyamuk yang rentan. Penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan model matematika dalam menggambarkan penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD), menyusun kembali model dengan menghitung titik kesetimbangan dan bilangan reproduksi dasar, menentukan startegi kendali optimal untuk pengendalian penyakit DBD, serta melakukan simalulasi numerik[2]. Hasil penelitian menghasilkan model SIR-SI yang memodelkan dinamika penyebaran DBD. Dari model tersebut, ditemukan dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) dan titik kesetimbangan endemik (E_1). Selain itu, bilangan reproduksi dasar (R_0) dihitung menggunakan metode Next Generation matrix, dengan

$$\text{hasil } R_0 = \frac{\sqrt{\mu_H(\mu_H + \gamma_H)\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V b}}{\mu_H(\mu_H + \gamma_H)(N_H + m)\mu_V}.$$

Kata Kunci: Demam Berdarah Dengue, Titik Ekuilibrium, Analisis Kestabilan Lokal, Matriks Jacobian

Abstract

Dengue fever is an infectious disease caused by the Dengue virus and transmitted through the bite of the *Aedes aegypti* mosquito. The causative factor is the lack of public understanding of the symptoms of dengue fever and how to deal with it[1]. In this study, the epidemic model used is the SIR model with the assumption that spraying (*fogging*), distributing temephos powder and socializing 3M Plus, and increasing fogging activities in mosquito nest eradication before the transmission period (SMP) can be used as an effort to prevent contact between vulnerable human populations and infected mosquitoes, treatment is carried out with infected individuals, and isolation is carried out for infected individuals so that there is no contact with vulnerable mosquitoes. This study aims to develop a mathematical model to describe the spread of Dengue Fever (DHF), reconstruct the model by calculating the equilibrium point and basic reproduction

number, determine the optimal control strategy for DHF disease control, and perform numerical simulation. The results of the study resulted in an SIR-SI model that modeled the dynamics of the spread of DHF. From the model, two equilibrium points were found, namely the disease-free equilibrium point (E_0) and the endemic equilibrium point (E_1). In addition, the basic reproduction number (R_0) was

calculated using the Next Generation matrix method, with the result $R_0 = \frac{\mu_H(\mu_H + \gamma_H)\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V b}{\mu_H(\mu_H + \gamma_H)(N_H + m)\mu_V}$

Keywords: Dengue Fever, Equilibrium Point, Local Stability Analysis, Jacobian Matrix.

1. Pendahuluan

Demam Berdarah Dengue (DBD) disebabkan oleh virus Dengue dan merupakan penyakit akut dengan manifestasi klinis pendarahan yang berpotensi fatal. Ada empat serotipe virus Dengue yang menyebabkan dengan serotipe 3 cenderung menyebabkan kasus yang berat [3]. Penyakit ini ditularkan melalui nyamuk *Aedes Aegypti* dan *Aedes Albopictus*, yang hidup di sekitar manusia dan bertelur di genangan air. Model epidemiologi menunjukkan bahwa penularan DBD dipengaruhi oleh interaksi antara faktor pejamu (manusia), faktor penyebar (nyamuk/vektor), dan faktor yang memfasilitasi kontak penularan.

Penyakit DBD pertama kali ditemukan di Filipina pada 1953 dan sejak itu menyebar ke berbagai negara, meningkatkan insidensi global secara dramatis [4]. Asia Tenggara dan Pasifik Barat adalah daerah yang paling terdampak [5]. Di Indonesia, Kalimantan Selatan termasuk wilayah endemik DBD, dengan kasus tertinggi terjadi di Kota Banjarbaru [6], dan [7]. Penyebaran penyakit ini dipengaruhi oleh musim hujan dan genangan air yang menjadi tempat berkembang biaknya nyamuk vektor [8].

Pemodelan matematika, khususnya model dinamik SIR (Susceptible, Infected, Recovered), digunakan untuk menganalisis penyebaran penyakit DBD. Tujuan penelitian ini adalah untuk

menganalisis hasil simulasi penyebaran DBD pada model SIR, dengan fokus pada populasi manusia dan nyamuk. Langkah-langkah analisis meliputi pembentukan model matematika, penentuan titik ekuilibrium, kestabilan titik ekuilibrium, analisis sensitivitas terhadap Bilangan Reproduksi Dasar (Basic Reproduction Number), serta pembuatan dan interpretasi simulasi model.

2. Landasan Teori

2.1 Persamaan Diferensial

Definisi mengenai persamaan diferensial yang diberikan oleh Ross (2004) adalah sebagai berikut.

Definisi 2.1

Suatu persamaan yang mengandung fungsi dan turunan-turunannya terhadap satu atau lebih variabel bebas dapat disebut sebagai persamaan diferensial [9].

Definisi 2.2

Persamaan diferensial menjelaskan hubungan antara sebuah fungsi dan turunan-turunannya terhadap variabel independen. Ada dua jenis: Persamaan Diferensial Biasa (PDB) dan Persamaan Diferensial Parsial (PDP). PDB hanya melibatkan satu variabel bebas, sedangkan PDP melibatkan beberapa. Definisi PDB dan PDP bisa ditemukan di buku Ross (2004) dan sumber online

lainnya.

Ross (2004) memberikan definisi orde sebagai berikut.

Definisi 2.3

Orde dari sebuah persamaan diferensial adalah turunan orde tertinggi yang muncul dalam persamaan tersebut. Sebagai contoh, persamaan $y'' + 3y' - 4y = 0$ adalah persamaan diferensial orde dua karena turunan orde tertinggi yang muncul adalah y'' [9].

Definisi 2.4

Persamaan diferensial biasa linear orde n hanya melibatkan satu variabel dependen y dan satu variabel independen x . Umumnya ditulis sebagai:

$$a_n(x)y^{(n)} + a_{n-1}(x)y^{(n-1)} + \dots + a_1(x)y' + a_0(x)y = g(x)$$

Di sini, $y^{(n)}$ adalah turunan ke- n dari y terhadap x . Koefisien $a_n(x), a_{n-1}(x), \dots, a_1(x), a_0(x)$ dan fungsi $g(x)$ bisa berupa konstanta atau fungsi dari x . Persamaan ini disebut linear karena merupakan kombinasi linear dari turunan-turunan dari y . Jika $g(x) = 0$, disebut homogen, jika tidak, disebut non-homogen. Definisi dan jenis-jenisnya bisa ditemukan di berbagai sumber [10] dan sumber online lainnya.

2.2 Sistem Persamaan Diferensial

Menurut Ross (2004), sistem persamaan diferensial terdiri dari dua atau lebih persamaan diferensial yang saling berkaitan. Ada dua jenis sistem ini: sistem persamaan diferensial linier dan nonlinier[9]. Sistem linier dapat dinyatakan sebagai kombinasi linear dari turunan-turunan dependen, sementara sistem nonlinier tidak dapat

diungkapkan dengan cara ini. Definisi sistem linier dan nonlinier dapat ditemukan di berbagai sumber, termasuk [10] dan beberapa sumber online.

2.3 Model Epidemik

Model epidemik adalah alat matematika untuk memahami penyebaran penyakit menular. Salah satu yang umum digunakan adalah model SIR, yang membagi populasi menjadi rentan, terinfeksi, dan sembuh[11]. SIR adalah jenis sistem persamaan diferensial nonlinier yang memprediksi penyebaran penyakit dan parameter epidemiologi. Ada juga model lain seperti SIS, SEIR, SEIRS, SVIR, SIRS, SEIS, SIQR, SVEIR, dan lainnya yang digunakan dalam epidemiologi[12].

2.3.1 Model SIR Klasik

Model SIR klasik adalah model yang digunakan untuk menjelaskan masalah penyebaran penyakit. Model ini pertama kali diperkenalkan oleh Kermack-McKendrick pada tahun 1927. Model ini terdiri dari tiga kelas yaitu Susceptible (S), Infective (I), dan Recovered (R). Model ini dapat digambarkan sebagai berikut:

- Susceptible (S): Kelas ini terdiri dari individu yang belum terinfeksi penyakit tetapi rentan terhadap infeksi.
- Infective (I): Kelas ini terdiri dari individu yang terinfeksi penyakit dan dapat menularkan penyakit ke individu yang sehat.
- Recovered (R): Kelas ini terdiri dari individu yang telah sembuh dari penyakit dan memiliki kekebalan terhadap penyakit tersebut.

Model SIR klasik dapat digunakan untuk

memprediksi jumlah orang yang terinfeksi penyakit dalam populasi tertentu pada suatu waktu tertentu.

Setelah menentukan model matematika, selanjutnya dibahas mengenai titik ekuilibrium dan kestabilan.

2.4 Titik Ekuilibrium

Titik ekuilibrium, atau titik kesetimbangan, adalah solusi tetap untuk suatu sistem persamaan diferensial. Menurut Perko (2001), ini adalah titik di mana sistem tidak berubah seiring waktu. Ada dua jenis titik ekuilibrium: bebas penyakit dan endemik penyakit[13]. Kestabilan titik ekuilibrium dianalisis melalui definisi kestabilan dan menggunakan nilai eigen matriks Jacobian pada metode linearisasi. Titik ekuilibrium stabil jika tidak mengalami perubahan seiring waktu untuk setiap solusi yang memenuhi syarat tertentu; jika tidak, dikatakan tidak stabil.

2.5 Analisis Kestabilan

Analisis kestabilan dalam sistem dapat dibagi menjadi dua: lokal dan global. Kestabilan lokal hanya berlaku di sekitar titik ekuilibrium, sementara kestabilan global berlaku secara menyeluruh. Analisis kestabilan lokal dilakukan melalui proses linearisasi, dengan mengambil turunan parsial dari sistem pada titik ekuilibrium dan menggunakan nilai eigen matriks Jacobian. Titik ekuilibrium dikatakan stabil jika tidak mengalami perubahan sepanjang waktu untuk setiap solusi yang memenuhi syarat tertentu, dan tidak stabil jika sebaliknya. Kestabilan global dianalisis dengan fungsi Lyapunov.

2.6 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah indikator jumlah infeksi baru yang dihasilkan oleh satu individu infeksi dalam populasi ekuilibrium bebas penyakit. Ini dapat didefinisikan sebagai rata-rata jumlah individu infeksi sekunder akibat individu infeksi primer yang sepenuhnya tertular. Dalam model epidemiologi, R_0 dalam populasi rentan (Susceptible) dapat memiliki nilai $R_0 < 1$, $R_0 = 1$, atau $R_0 > 1$. R_0 dihitung dari rumus model matematika penyebaran penyakit. R_0 membantu memprediksi tren infeksi dalam populasi *Susceptible* dan menentukan kestabilan titik ekuilibrium. Jika $R_0 < 1$, jumlah individu yang terinfeksi menurun pada setiap generasi, sehingga penyakit hilang. Jika $R_0 > 1$, jumlah individu yang terinfeksi meningkat pada setiap generasi, sehingga penyakit menyebar.

3. Hasil Dan Pembahasan

3.1 Pembentukan Model

Penyakit Demam Berdarah *Dengue* dapat dimodelkan menggunakan model matematika. Pembentukan model ini dimulai dengan mengidentifikasi dua populasi, yaitu populasi manusia (*Host*) dan populasi nyamuk (*Vector*).

Pembentukan model matematika untuk populasi manusia (*Host*) melibatkan pembagian menjadi 3 subpopulasi, yaitu:

1. Subpopulasi Rentan (*Susceptible*), yang ditandai dengan $S_H(t)$, mewakili jumlah individu rentan terinfeksi DBD pada waktu t .

2. Subpopulasi Terinfeksi (*Infected*), yang ditandai dengan $I_H(t)$, mewakili jumlah individu terinfeksi DBD pada waktu t .
3. Subpopulasi Sembuh (*Recovered*), yang ditandai dengan $R_H(t)$, mewakili jumlah individu yang sembuh setelah terinfeksi DBD pada waktu t .

Berdasarkan pengelompokan di atas, populasi manusia (*Host*) dapat dianggap sebagai jumlah dari subpopulasi rentan, terinfeksi, dan sembuh. Jika populasi manusia (*Host*) dinotasikan dengan $N_H(t)$, maka secara matematis $N_H(t)$ dapat ditulis sebagai berikut:

$$N_H(t) = S_H(t) + I_H(t) + R_H(t) \quad (3.1)$$

Selanjutnya, populasi nyamuk (*Vector*) terbagi menjadi 2 subpopulasi sebagai berikut:

1. Subpopulasi Rentan (*Susceptible*) pada nyamuk, yang dinotasikan dengan $S_V(t)$, menyatakan jumlah nyamuk yang rentan terhadap virus Dengue pada saat t .
2. Subpopulasi Terinfeksi (*Infected*) pada nyamuk, yang dinotasikan dengan $I_V(t)$, menyatakan jumlah nyamuk yang terinfeksi oleh virus Dengue pada saat t .

Berdasarkan pengelompokan di atas, populasi nyamuk (*Vector*) dapat dianggap sebagai jumlah dari subpopulasi Rentan dan Terinfeksi. Jika populasi nyamuk (*Vector*) dinotasikan dengan $N_V(t)$, maka secara matematis $N_V(t)$ dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$N_V(t) = S_V(t) + I_V(t) \quad (3.2)$$

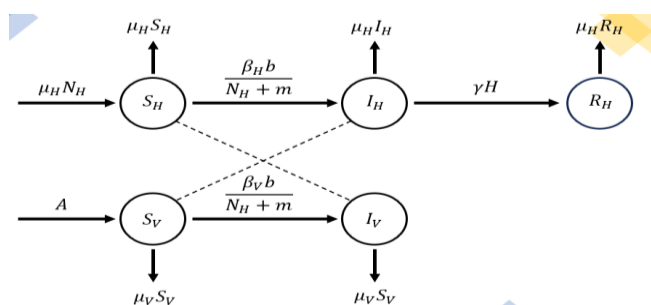
Dalam proses pembentukan model matematika penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue, ada beberapa asumsi yang digunakan yaitu sebagai berikut:

1. Setiap individu yang lahir pada populasi manusia (*Host*) akan menjadi individu yang rentan.
2. Laju kelahiran dan laju kematian alami pada populasi manusia (*Host*) bernilai sama.
3. Individu yang terinfeksi pada populasi manusia (*Host*) yang telah melakukan pengobatan akan sembuh lebih cepat dan dapat langsung masuk ke subpopulasi *Recovered*.
4. Individu yang terinfeksi pada populasi manusia (*Host*) dapat sembuh secara alami dan dapat langsung masuk ke dalam subpopulasi *Recovered*.
5. Laju penambahan nyamuk konstan.
6. Laju kelahiran dan laju kematian alami pada populasi nyamuk (*Vector*) bernilai sama.
7. Subpopulasi rentan pada kelompok nyamuk (*Vector*) yang berinteraksi atau terjadi kontak melalui rata-rata gigitan nyamuk dengan individu terinfeksi yang tidak melakukan isolasi pada populasi manusia (*Host*) selama masa inkubasi menjadi nyamuk yang terinfeksi dan dapat langsung masuk ke subpopulasi *Infected*.
8. Hanya ada populasi manusia dan nyamuk dalam satu wilayah.

Model ini menggunakan sistem persamaan diferensial dengan kompartemen manusia dan nyamuk, yang melibatkan kemungkinan *Susceptible*, *Infected*, dan *Recovered* (*SIR*). Model ini membantu menganalisis kestabilan dan perilaku penyebaran penyakit Demam Berdarah

Dengue, serta memprediksi dampak pengobatan dan vaksinasi terhadap penyebaran penyakit ini.

Dengan asumsi-asumsi sebelumnya, dapat dibuat diagram kompartemen untuk pola penyebaran penyakit DBD antara manusia dan nyamuk. Diagram ini mencakup kompartemen *Susceptible*, *Infected*, dan *Recovered* (*SIR*), dan *Susceptible* serta *Infected* pada nyamuk. Model matematika ini berguna untuk menganalisis stabilitas dan perilaku penyebaran penyakit DBD, serta meramalkan dampak pengobatan dan vaksinasi.



Keterangan:

→ : Subpopulasi S_H , I_H , R_H , S_V , dan I_V akan mengalami penambahan atau pengurangan sesuai dengan arah panah.

--- : Adanya interaksi/kontak pada individu di subpopulasi *Susceptible* dan subpopulasi *Infected*.

Dari gambar, maka parameter yang digunakan pada model ini didefinisikan sebagai berikut.

μ_H : Laju kelahiran/kematian konstan pada populasi manusia.

γ_H : Laju kesembuhan pada populasi manusia.

β_H : Laju kontak dari nyamuk (*Vector*) ke manusia (*Host*)

β_V : Laju kontak dari manusia (*Host*) ke

nyamuk (*Vector*)

μ_V : Laju kelahiran/kematian dalam populasi nyamuk

b : Jumlah rata-rata gigitan nyamuk perhari

A : Laju pertumbuhan nyamuk

m : Jumlah inang alternatif yang tersedia sebagai sumber darah

Semua parameter tersebut memiliki pengaruh positif terhadap penyebaran penyakit. Terbentuknya suatu model matematika pada penyakit ini untuk populasi manusia (*Host*) dan populasi nyamuk (*Vector*) dapat dijelaskan sebagai berikut.

1. *Susceptible* pada Populasi Manusia (*Host*)

Perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* pada model penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue akan mengalami penambahan karena adanya individu yang lahir dengan jumlah kelahiran sebesar $\mu_H N_H$, sesuai dengan Asumsi 1. Hal ini menunjukkan bahwa semakin banyak individu yang lahir, semakin banyak pula individu yang rentan terhadap penyakit. Perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* ini mempengaruhi penyebaran penyakit di populasi manusia dan nyamuk. Berdasarkan Asumsi 2, perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* terhadap waktu akan berkurang akibat adanya kematian alami dengan jumlah kematian alami sebesar $\mu_H S_H$. Dalam model penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue, ini menunjukkan bahwa kematian alami dapat mengurangi jumlah individu yang rentan dalam populasi manusia. Hal ini akan mempengaruhi penyebaran penyakit di populasi

manusia dan nyamuk. Berdasarkan hal tersebut, perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* terhadap waktu t adalah:

$$\frac{dS_H}{dt} = \mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - \mu_H S_H \quad (3.3)$$

2. *Infected* pada Populasi Manusia (*Host*)

Berdasarkan Asumsi 2, perubahan jumlah subpopulasi *Infected* terhadap waktu akan menurun akibat adanya kematian alami pada subpopulasi *Infected* dengan jumlah kematian alami sebesar $\mu_H I_H$. Hal ini mengindikasikan bahwa kematian alami akan mengurangi jumlah individu yang terinfeksi dalam populasi manusia, yang akan memengaruhi penyebaran penyakit. Berdasarkan Asumsi 3, jumlah individu dalam subpopulasi *Infected* akan berkurang karena sebgain individu yang terinfeksi menjalani pengobatan, sehingga sembuh lebih cepat sebesar γ_H . Berdasarkan hal tersebut, perubahan jumlah subpopulasi *Infected* terhadap waktu t adalah:

$$\frac{dI_H}{dt} = \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H \quad (3.4)$$

3. *Recovered* pada Populasi Manusia (*Host*)

Perubahan jumlah subpopulasi *Recovered* terhadap waktu akan bertambah karena sebagian individu yang terinfeksi melakukan pengobatan sehingga sembuh lebih cepat sebesar γ_H , sesuai dengan Asumsi 3. Berdasarkan Asumsi 4, perubahan jumlah subpopulasi *Recovered* juga akan meningkat karena sebagian individu yang terinfeksi telah sembuh sebesar γ_H . Selanjutnya pada Asumsi 2, perubahan jumlah subpopulasi *Recovered* terhadap waktu akan menurun karena adanya kematian alami dengan jumlah kematian

alami sebesar $\mu_H R_H$. Berdasarkan hal tersebut, perubahan jumlah subpopulasi *Recovered* terhadap waktu t adalah:

$$\frac{dR_H}{dt} = \gamma_H I_H - \mu_H R_H \quad (3.5)$$

4. *Susceptible* pada Populasi Nyamuk (*Vector*)

Perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* terhadap waktu akan meningkat karena adanya penambahan nyamuk baru sebesar A , sesuai dengan Asumsi 5. Berdasarkan asumsi 6, perubahan jumlah subpopulasi *Susceptible* terhadap waktu akan menurun karena adanya kematian alami dengan jumlah kematian alami sebesar $\mu_V S_V$. Selanjutnya pada Asumsi 8, subpopulasi *Susceptible* juga akan berkurang karena adanya interaksi antara nyamuk (*Vector*) rentan dengan individu terinfeksi yang tidak melakukan isolasi pada populasi manusia (*Host*) sebesar $\frac{\beta_V b}{N_H + m}$, sehingga nyamuk tersebut akan berpindah ke subpopulasi *Infected*. Berdasarkan hal tersebut, perubahan jumlah *Susceptible* terhadap waktu t adalah:

$$\frac{dS_V}{dt} = A_V - \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V S_V \quad (3.6)$$

5. *Infected* pada Populasi Nyamuk (*Vector*)

Perubahan jumlah subpopulasi *Infected* terhadap waktu akan bertambah karena adanya interaksi antara nyamuk (*Vector*) dengan individu terinfeksi yang tidak melakukan isolasi pada populasi manusia (*Host*) sebesar $\frac{\beta_V b}{N_H + m}$, sehingga dapat dikategorikan menjadi nyamuk yang terinfeksi, hal ini sesuai dengan Asumsi 7. Berdasarkan Asumsi 6, perubahan jumlah

subpopulasi *Infected* terhadap waktu akan bertambah karena adanya kematian alami dengan laju kematian alami sebesar $\mu_V I_V$. Berdasarkan hal tersebut, perubahan jumlah subpopulasi *Infected* terhadap waktu t adalah:

$$\frac{dI_V}{dt} = \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V I_V \quad (3.7)$$

Berdasarkan uraian di atas maka model matematika dapat diperoleh dengan mengakomodir faktor kesadaran masyarakat terhadap penularan penyakit Dengue, yang berbentuk sistem persamaan diferensial nonlinear sebagai berikut:

$$\frac{dS_H}{dt} = \mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - \mu_H S_H \quad (3.8)$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H \quad (3.9)$$

$$\frac{dR_H}{dt} = \gamma_H I_H - \mu_H R_H \quad (3.10)$$

$$\frac{dS_V}{dt} = A_V - \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V S_V \quad (3.11)$$

$$\frac{dI_V}{dt} = \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V I_V \quad (3.12)$$

3.2 Titik Ekuilibrium pada Model Matematika terhadap Penularan Penyakit Demam Berdarah

Berdasarkan Definisi 2.4, untuk menentukan titik ekuilibrium maka Persamaan (3.8), (3.9), (3.10), (3.11), dan (3.12) harus memenuhi kondisi $\frac{dS_H}{dt} = 0$, $\frac{dI_H}{dt} = 0$, $\frac{dR_H}{dt} = 0$, $\frac{dS_V}{dt} = 0$, $\frac{dI_V}{dt} = 0$, sehingga diperoleh

$$\mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - \mu_H S_H = 0 \quad (3.13)$$

$$\frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H = 0 \quad (3.14)$$

$$\gamma_H I_H - \mu_H R_H = 0 \quad (3.15)$$

$$A_V - \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V S_V = 0 \quad (3.16)$$

$$\frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V I_V = 0 \quad (3.17)$$

Dengan menyelesaikan persamaan di atas maka akan diperoleh titik-titik ekuilibrium.

3.2.1 Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit (E_0)

Titik ekuilibrium bebas penyakit merupakan suatu keadaan di mana dalam subpopulasi tersebut tidak terdapat subpopulasi terinfeksi atau hanya terhadap subpopulasi rentan.

Berdasarkan Persamaan (3.14) diperoleh

$$\frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H = 0$$

$$I_H = \frac{\beta_H b S_H I_V}{(N_H + m)(\mu_H + \gamma_H)} \quad (3.18)$$

Kemudian substitusi Persamaan (3.18) ke Persamaan (3.17) diperoleh

$$\frac{\beta_V b S_V \left(\frac{\beta_H b S_H I_V}{(N_H + m)(\mu_H + \gamma_H)} \right)}{N_H + m} - \mu_V I_V = 0$$

$$\frac{\beta_V b^2 S_V \beta_H S_H I_V}{(N_H + m)^2 (\mu_H + \gamma_H)} - \mu_V I_V = 0$$

$$I_V \left(\frac{\beta_V b^2 S_V \beta_H S_H}{(N_H + m)^2 (\mu_H + \gamma_H)} - \mu_V \right) = 0$$

$$I_V = 0 \quad (3.19)$$

atau

$$\frac{\beta_V b^2 S_V \beta_H S_H}{(N_H + m)^2 (\mu_H + \gamma_H)} - \mu_V = 0 \quad (3.20)$$

Kemudian, substitusi Persamaan (3.19) ke Persamaan (3.14) diperoleh

$$\begin{aligned}\frac{\beta_H b S_H(0)}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H &= 0 \\ -(\mu_H + \gamma_H) I_H &= 0 \\ I_H &= 0\end{aligned}\quad (3.21)$$

Substitusi Persamaan (3.21) ke Persamaan (3.5) maka diperoleh

$$\begin{aligned}\gamma_H I_H - \mu_H R_H &= 0 \\ \gamma_H(0) - \mu_H R_H &= 0 \\ -\mu_H R_H &= 0 \\ R_H &= 0\end{aligned}\quad (3.22)$$

Substitusi Persamaan (3.21) ke Persamaan (3.16) maka diperoleh

$$\begin{aligned}A_V - \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V S_V &= 0 \\ A_V - \frac{\beta_V b S_V(0)}{N_H + m} - \mu_V S_V &= 0 \\ A_V - \mu_V S_V &= 0 \\ S_V &= \frac{A_V}{\mu_V}\end{aligned}\quad (3.23)$$

Substitusi Persamaan (3.19) ke Persamaan (3.13) maka diperoleh

$$\begin{aligned}\mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - \mu_H S_H &= 0 \\ \mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H(0)}{N_H + m} - \mu_H S_H &= 0 \\ \mu_H N_H - \mu_H S_H &= 0 \\ S_H &= \frac{\mu_H N_H}{\mu_H} \\ S_H &= N_H\end{aligned}\quad (3.24)$$

Berdasarkan Persamaan (3.18), (3.19), (3.21), (3.22), dan (3.23) diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit

$$E_0(S_H, I_H, R_H, S_V, I_V) = \left(N_H, 0, 0, \frac{A_V}{\mu_V}, 0\right) \quad (3.25)$$

3.2.2 Bilangan Reproduksi Dasar ($\mathcal{R}_0$)

Bilangan reproduksi dasar merupakan suatu besaran yang menyatakan tingkat penularan atau penyebaran infeksi penyakit, disimbolkan dengan $\mathcal{R}_0$. Untuk menentukan bilangan reproduksi dasar ($\mathcal{R}_0$), maka dilakukan perhitungan menggunakan Persamaan (3.8), (3.9), (3.10), (3.11), dan (3.12) dengan titik ekuilibrium bebas penyakit yang telah diperoleh yaitu $E_0 = \left(N_H, 0, 0, \frac{A_V}{\mu_V}, 0\right)$. Pendekatan yang digunakan untuk memperoleh $\mathcal{R}_0$ adalah menggunakan matriks. Berikut adalah langkah-langkah dalam penentuan $\mathcal{R}_0$.

a. Laju perubahan subpopulasi yang terinfeksi terhadap waktu dapat dilihat dari Persamaan (3.9) sebagai berikut

$$\begin{aligned}\frac{dI_H}{dt} &= \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H \\ \frac{dI_V}{dt} &= \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V I_V\end{aligned}\quad (3.26)$$

laju perubahan subpopulasi yang tidak terinfeksi terhadap waktu dapat dilihat dari persamaan (3.8), (3.10), dan (3.12) sebagai berikut

$$\begin{aligned}\frac{dS_H}{dt} &= \mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - \mu_H S_H \\ \frac{dR_H}{dt} &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H \\ \frac{dS_V}{dt} &= A_V - \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V S_V\end{aligned}\quad (3.27)$$

dengan titik ekuilibrium bebas penyakit yang telah diperoleh adalah

$$E_0 = \left(N_H, 0, 0, \frac{A_V}{\mu_V}, 0\right) \quad (3.28)$$

b. Berdasarkan bantuan dari aplikasi maple, maka diperoleh

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\sqrt{\mu_H(\mu_H + \gamma_H)\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V b}}{\mu_H(\mu_H + \gamma_H)(N_H + m)\mu_V} \quad (3.29)$$

3.2.3 Titik Ekuilibrium Endemik (E*)

Titik ekuilibrium endemik merupakan kondisi yang terjadi pada saat terdapat subpopulasi rentan pada populasi manusia (*Host*), terdapat subpopulasi yang terinfeksi pada populasi manusia (*Host*), dan terdapat subpopulasi yang terinfeksi pada populasi nyamuk (*Vector*).

Berdasarkan bantuan aplikasi maple diperoleh titik ekuilibrium endemik

$$E^* = \left(\begin{array}{c} \frac{\mu_H((N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)\mu_V + b\mu_H N_H \beta_V)(N_H+m)}{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)\beta_V b}, \\ \frac{-\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H^2 - \gamma_H\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H + b^2\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V}{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)\beta_V b}, \\ \frac{(-\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H^2 - \gamma_H\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H + b^2\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V)\gamma_H}{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)\beta_V \mu_H(\mu_H+\gamma_H)b}, \\ \frac{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)(N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)}{((N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)\mu_V + b\mu_H N_H \beta_V)b\beta_H}, \\ \frac{-\mu_V(N_H+m)^2(\mu_H+\gamma_H)\mu_V^2 + b^2\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V}{\mu_V((N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)\mu_V + b\mu_H N_H \beta_V)b\beta_H} \end{array} \right) \quad (3.30)$$

4. Kesimpulan Dan Saran

Berdasarkan pembahasan diperoleh kesimpulan, sebagai berikut.

1. Model matematika yang digunakan dalam dinamika penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue adalah dengan menggunakan metode SIR-SI. Sebagai berikut:

$$\frac{dS_H}{dt} = \mu_H N_H - \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - \mu_H S_H \quad (3.31)$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \frac{\beta_H b S_H I_V}{N_H + m} - (\mu_H + \gamma_H) I_H \quad (3.32)$$

$$\frac{dR_H}{dt} = \gamma_H I_H - \mu_H R_H \quad (3.33)$$

$$\frac{dS_V}{dt} = A_V - \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V S_V \quad (3.34)$$

$$\frac{dI_V}{dt} = \frac{\beta_V b S_V I_H}{N_H + m} - \mu_V I_V \quad (3.35)$$

2. Dari model penyakit DBD SIR-SI diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit E_0 yaitu $E_0 = (N_H, 0, 0, \frac{A_V}{\mu_V}, 0)$ dan titik ekuilibrium endemik E^* yaitu $E^*(S_H^*, I_H^*, R_H^*, S_V^*, I_V^*) =$

$$\left(\begin{array}{c} \frac{\mu_H((N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)\mu_V + b\mu_H N_H \beta_V)(N_H+m)}{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)\beta_V b}, \\ \frac{-\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H^2 - \gamma_H\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H + b^2\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V}{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)\beta_V b}, \\ \frac{(-\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H^2 - \gamma_H\mu_V^2(N_H+m)^2\mu_H + b^2\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V)\gamma_H}{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)\beta_V \mu_H(\mu_H+\gamma_H)b}, \\ \frac{(\mu_V(N_H+m)\mu_H + bA_V \beta_H)(N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)}{((N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)\mu_V + b\mu_H N_H \beta_V)b\beta_H}, \\ \frac{-\mu_V(N_H+m)^2(\mu_H+\gamma_H)\mu_V^2 + b^2\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V}{\mu_V((N_H+m)(\mu_H+\gamma_H)\mu_V + b\mu_H N_H \beta_V)b\beta_H} \end{array} \right)$$

Selain itu juga diperoleh bilangan reproduksi dasar ($\mathcal{R}_0$) dengan menggunakan *Next Generation*

$$\text{Matrix diperoleh } \mathcal{R}_0 = \frac{\sqrt{\mu_H(\mu_H+\gamma_H)\mu_H A_V N_H \beta_H \beta_V b}}{\mu_H(\mu_H+\gamma_H)(N_H+m)\mu_V}$$

5. Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih terhadap kepada FMIPA dan Prodi Matematika yang telah membantu sehingga penulis dapat menyelesaikan artikel ini dengan baik.

Daftar Pustaka

- [1] R. Affi, "UPAYA PENINGKATAN KESADARAN MASYARAKAT DALAM MENANGGULANGI PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE (DBD) DI DESA GUNUNGSARI, KABUPATEN CIAMIS," 2018.
- [2] A. Agustina dan P. Affandi, "ANALISIS MODEL SIR-ASI PADA PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE ANALYSIS OF THE SIR-ASI MODEL IN DENGUE FEVER," 2023.
- [3] B. Farmakologi, "Demam Berdarah Dengue (DBD)," 2014.
- [4] Frida N., *Mengenal Demam Berdarah Dengue*, vol. 1. 2008.
- [5] Sulistyawati, "Edukasi Peduli Keberadaan Jentik Nyamuk Sejak Dini di Pakuncen,

- Wirobrajan,” vol. 2, 2024.
- [6] P. Affandi, M. K. Ahsar, E. Suhartono, dan J. Dalle, “Sistematic Review: Mathematics Model Epidemiology of Dengue Fever,” 1 Agustus 2022, *Horizon Research Publishing*. doi: 10.13189/ujph.2022.100415.
 - [7] P. Affandi, M. Ahsark, E. Suhartono, I. Syauqiah, H. Santanapurba, dan J. Dalle, “MATHEMATICS MODEL: DOMINANT FACTORS OF DENGUE HEMORRHAGICFEVERDISEASE,” *Operational Research in Engineering Sciences: Theory and Applications*, vol. 6, no. 3, hlm. 287–303, 2023, doi: 10.31181/oresta/060314.
 - [8] P. Affandi, A. K, S. W, A. S, dan A. A, “Strategy to Control Environmental Factors and Community Behavior Based on a Model of the Endemic Incident of Dengue Fever,” *European Alliance for Innovation n.o.*, Agu 2024. doi: 10.4108/eai.2-11-2023.2348013.
 - [9] “Differential Equations(Shepley L. Ross)”.
 - [10] P. Orde Pertama dan P. Diferensial Biasa Orde Pertama, “PERSAMAAN DIFERENSIAL BIASA,” 2018.
 - [11] N. Azirah Amri dan C. Author, “INFINITY-Jurnal Matematika dan Aplikasinya (IJMA) Analisis Model SIR (Susceptible Infected Recovered) Dalam Penyebaran Penyakit Kanker Serviks Di Kota Palopo,” 2020.
 - [12] IntanDwiMaritaPutri, “MODEL PENYEBARAN TUBERCULOSIS DENGAN PENGURANGAN WAKTU KONTAK DAN VAKSINASI,” vol. 12, hlm. 4–4, 2024.
 - [13] L. Perko, “Texts in Applied Mathematics 7 Differential Equations and Dynamical Systems Springer,” 2001.