

PEMODELAN MATEMATIKA DAN ANALISIS PENYEBARAN DEMAM BERDARAH

Egi Safitri^{1*}, Hendra Kurniawan², Sri Karnila³, Neni Purwati⁴, Nurjoko⁵, dan Ruki Rizal⁶
Institut Informatika dan Bisnis Darmajaya^{1,2,3,4,5,6}
Corresponding author* : egisafitri@darmajaya.ac.id

Abstrak—Demam berdarah merupakan permasalahan kesehatan yang serius di seluruh dunia dengan jumlah kematian yang signifikan sebagai akibat penyakit ini. Penelitian ini mengusulkan sebuah model SIR untuk populasi manusia dan model UV untuk populasi vektor dengan tingkat saturasi insiden, bertujuan untuk menggambarkan transmisi demam berdarah. Dilakukan perhitungan titik keseimbangan dan *basic reproduction number*, serta identifikasi kondisi yang memengaruhi keseimbangan bebas penyakit dan keseimbangan endemik. Stabilitas lokal titik keseimbangan dianalisis menggunakan nilai *eigen* dari matriks Jacobi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa stabilitas titik keseimbangan bebas penyakit (DFE) dipengaruhi oleh nilai $\mathcal{R}_0 < 1$, sedangkan $\mathcal{R}_0 > 1$ menunjukkan stabilitas keseimbangan endemik. Analisis elastisitas dan sensitivitas terhadap parameter model dilakukan terhadap \mathcal{R}_0 . Hasil akhir mengidentifikasi parameter β_v sebagai parameter yang paling sensitif, dengan pengaruh tertinggi terhadap \mathcal{R}_0 .

Kata kunci—demam berdarah, model matematika, basic reproduction number, elastisitas dan sensitivitas.

I. PENDAHULUAN

Demam berdarah merupakan kondisi yang disebarkan oleh vektor dan menjangkit manusia melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* [1]. Hal ini dianggap sebagai masalah serius dalam bidang kesehatan masyarakat di negara-negara tropis dan subtropis di berbagai belahan dunia. Demam berdarah menjadi masalah kesehatan global yang signifikan, den-

gan dampaknya yang meluas menimbulkan beban besar pada sistem kesehatan masyarakat di seluruh dunia [2]. Menurut Organisasi Kesehatan Dunia (WHO), sekitar 3,9 miliar orang berisiko terkena demam berdarah [3], dengan perkiraan 96 juta kasus baru setiap tahunnya [4]. Penyakit yang disebabkan oleh virus dengue ini tersebar luas di lebih dari 100 negara di seluruh dunia, dengan risiko terutama tinggi di daerah tropis dan subtropis [5].

Pemahaman mendalam tentang dinamika penyebaran demam berdarah menjadi sangat penting dalam upaya pencegahan dan pengendalian penyakit ini [6], [7]. Upaya untuk mengurangi dampaknya memerlukan pendekatan yang komprehensif, termasuk penggunaan model matematika untuk memprediksi pola penyebaran dan merancang strategi intervensi yang efektif [8].

Beberapa penelitian sebelumnya telah menyelidiki model matematika untuk memahami penyebaran demam berdarah [9], [10], [11] dengan mengeksplorasi dampak heterogenitas populasi [12], dinamika vektor [13], [14], dan strategi intervensi [15], [16], [17].

Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan model matematika yang memperhitungkan saturasi insiden dalam penyebaran demam berdarah. Model ini diharapkan dapat memberikan pemahaman yang lebih mendalam tentang pola penyebaran penyakit, terutama di wilayah-wilayah di mana demam berdarah telah menjadi endemik dan laju infeksi baru mungkin telah mencapai titik jenuh. Melalui pendekatan ini, diharapkan dapat meningkatkan kemampuan

prediktif model matematika dalam memprediksi penyebaran demam berdarah dan memberikan dasar yang lebih kuat untuk perencanaan dan implementasi intervensi kesehatan masyarakat yang tepat.

II. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Pembagian Populasi

Total populasi manusia pada waktu ke- t ($N = N(t)$) dibagi menjadi tiga subpopulasi berdasarkan status kesehatan dan intervensi yang diberikan pada individu. Manusia rentan atau *susceptible* (S_h) adalah manusia sehat yang belum pernah terinfeksi demam berdarah dan dapat terinfeksi penyakit. Manusia terinfeksi atau *infected* (I_h) merupakan manusia yang terinfeksi demam berdarah dan dapat menularkan penyakit kepada manusia lainnya melalui nyamuk. Sementara manusia pulih atau *recovered* (R_h) adalah mereka yang telah pulih dan memiliki kekebalan selamanya terhadap infeksi dari serotipe tertentu, sehingga tidak dapat tertular untuk kedua kalinya dengan serotipe yang sama. Adapun populasi nyamuk terbagi menjadi dua subpopulasi: nyamuk rentan (U), yaitu nyamuk sehat yang belum pernah terinfeksi demam berdarah dan rentan terinfeksi penyakit, dan nyamuk terinfeksi (V), yang telah terinfeksi virus demam berdarah dan dapat menularkan virus tersebut kepada manusia.

B. Asumsi Model

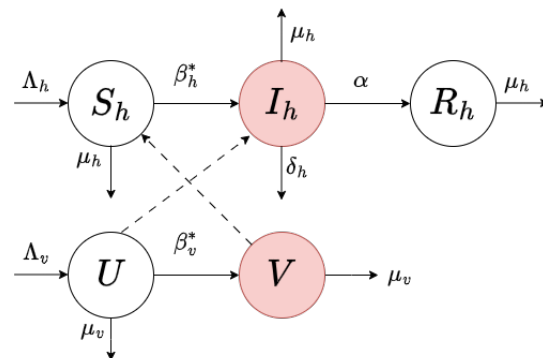
Asumsi yang digunakan untuk membentuk model deterministik penyebaran penyakit demam berdarah yaitu,

- 1) Populasi individu (nyamuk dan manusia) bersifat tertutup dan homogen.
- 2) Jumlah populasi manusia bersifat tidak konstan.
- 3) Setiap individu yang baru lahir masuk ke dalam kelompok individu *susceptible* walaupun individu tersebut terlahir dari individu terinfeksi.
- 4) Kematian yang terjadi pada setiap individu hanya kematian alami kecuali subpopulasi I_h yang mengalami kematian karena penyakit. Dalam artikel ini, laju kematian alami setiap kelompok adalah sama.

- 5) Penularan penyakit hanya terjadi melalui kontak antara individu *susceptible* dengan nyamuk terinfeksi atau nyamuk *susceptible* dengan individu terinfeksi.
- 6) Tidak adanya intervensi yang dilakukan.
- 7) Diasumsikan bahwa penularan penyakit demam berdarah hanya terjadi satu kali.
- 8) Tidak ada status pulih atau sembuh pada populasi nyamuk karena waktu hidup nyamuk yang singkat.
- 9) Setiap nyamuk yang menetas dan kemudian menjadi dewasa akan masuk ke dalam kelompok nyamuk rentan.

Adapun parameter yang digunakan dalam pembentukan model penyebaran demam berdarah ini ditunjukkan oleh Tabel I

Dengan mempertimbangkan asumsi, variabel dan parameter yang diajukan, model penyebaran demam berdarah dengan tingkat saturasi diilustrasikan dalam Gambar (1).



Gambar 1. Diagram transmisi penyebaran penyakit demam berdarah

Berdasarkan penjelasan dan diagram transmisi, maka penyebaran penyakit demam berdarah dapat dimodelkan secara matematis dalam bentuk sistem persamaan diferensial biasa sebagai berikut.

Tabel I
DEFINISI PARAMETER PENYEBARAN DEMAM BERDARAH

Par.	Definisi
Λ_h	Banyaknya manusia yang lahir per satuan waktu
Λ_v	Banyaknya nyamuk yang menetas per satuan waktu
N	Total populasi manusia
M	Total populasi nyamuk
β_h	Banyaknya gigitan nyamuk ke manusia rentan per satu ekor nyamuk per waktu
β_v	Banyaknya gigitan nyamuk ke manusia terinfeksi per satu ekor nyamuk per waktu
a_h	Probabilitas transmisi dari manusia terinfeksi ke nyamuk saat digigit
b_h	Koefisien saturasi pada peluang sukses nyamuk terinfeksi menggigit manusia sehat
μ_h	Laju kematian alami dari manusia
μ_v	Laju kematian alami dari nyamuk
α	Laju Kesembuhan
δ	Kematian yang terjadi karena penyakit

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_h}{dt} &= \Lambda_h - \frac{\beta_h (I_h a_h + 1) S_h V}{(I_h^2 b_h + 1) N} - \mu_h S_h \\
 \frac{dI_h}{dt} &= \frac{\beta_h (I_h a_h + 1) S_h V}{(I_h^2 b_h + 1) N} - \alpha I_h - \mu_h I_h - \delta I_h \\
 \frac{dR_h}{dt} &= \alpha I_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dU}{dt} &= \Lambda_v - \frac{\beta_v (a_h I_h n + 1) U I_h}{(b_h I_h^2 + 1) N} - \mu_v U \\
 \frac{dV}{dt} &= \frac{\beta_v (a_h I_h n + 1) U I_h}{(b_h I_h^2 + 1) N} - \mu_v V
 \end{aligned}
 \tag{1}$$

C. Reduksi Model

Pada tahap ini, akan mereduksi Sistem (1) yang bermula 5 dimensi, dengan reduksi akan dilakukan pada kompartemen nyamuk. Misalkan,

$$M = U + V$$

Sehingga diperoleh persamaan (2) berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_h}{dt} &= \Lambda_h - \frac{\beta_h (I_h a_h + 1) S_h V}{(I_h^2 b_h + 1) N} - \mu_h S_h \\
 \frac{dI_h}{dt} &= \frac{\beta_h (I_h a_h + 1) S_h V}{(I_h^2 b_h + 1) N} - \alpha I_h - \mu_h I_h - \delta I_h \\
 \frac{dR_h}{dt} &= \alpha I_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dV}{dt} &= \frac{\beta_v (a_h I_h n + 1) (M - V) I_h}{(b_h I_h^2 + 1) N} - \mu_v V
 \end{aligned}
 \tag{2}$$

D. Properti Dasar

Pada bagian ini dibahas mengenai kepositifan dan keterbatasan dari sistem (2). Berdasarkan ukuran populasi dan sistem persamaan diferensial (2) diperoleh hasil sebagai berikut,

$$\begin{aligned}
 \frac{dN}{dt} &= \frac{dS_h}{dt} + \frac{dI_h}{dt} + \frac{dR_h}{dt} \\
 &= \Lambda_h - \mu_h S_h - \delta_h I_h - \mu_h I_h - \mu_h R_h \\
 &= \Lambda_h - \mu_h (S_h + I_h + R_h) - \delta_h I_h \\
 &= \Lambda_h - \mu_h N - \delta_h I_h
 \end{aligned}
 \tag{3}$$

Berdasarkan asumsi, banyaknya manusia yang lahir sama dengan kematian alami sehingga diperoleh,

$$\begin{aligned}
 \Lambda_h &= \mu_h N \\
 N &= \frac{\Lambda_h}{\mu_h}
 \end{aligned}
 \tag{4}$$

Substitusi persamaan (4) ke dalam (3) sehingga diperoleh,

$$\begin{aligned}
 \frac{dN}{dt} &= \Lambda_h - \mu_h N - \delta_h I_h, \\
 &= \Lambda_h - \mu_h \frac{\Lambda_h}{\mu_h} - \delta_h I_h, \\
 &= -\delta_h I_h.
 \end{aligned}
 \tag{5}$$

Variabel I_h bermakna biologis jika I_h bernilai nonnegatif yang membuat populasi semakin turun jika ada kematian karena penyakit, sehingga total populasi manusia tidak konstan.

E. Solusi Kepositifan, Solusi Keterbatasan dan Daerah Invarian Positif

Suatu model akan memiliki makna epidemiologi [18] ditunjukkan bahwa model memiliki solusi kepositifan dan keterbatasan sebagai berikut.

Solusi Kepositifan

Teorema II.1. *Jika nilai awal $\Omega(0) \geq 0$ atau $\Omega(0)$ non-negatif, dengan $\Omega(t) = \{S_h(t), I_h(t), R_h(t), V(t)\}$ pada sistem persamaan (2), maka solusi akan selalu non-negatif untuk setiap $t > 0$.*

BUKTI. Berdasarkan persamaan (2), untuk $S_h(0) > 0, I_h(0) > 0, R_h(0) > 0$, dan $V(0) > 0$, jika $S_h(t_i) \rightarrow 0$ saat $t = t_i$ dan $t \neq 0$, maka $\frac{dS_h(t)}{dt} \rightarrow \Lambda_h > 0$, artinya $S_h(t) \geq S_h(t_i)$ untuk $t > t_i$, sehingga $S_h \geq 0$ untuk $t > 0$. Dengan cara yang sama, dapat dibuktikan bahwa $I_h(t) \geq 0, R_h(t) \geq 0, V(t) \geq 0$ untuk setiap $t > 0$.

Solusi Keterbatasan

Teorema II.2. *Pada sistem (2) jumlah populasi manusia dan nyamuk akan terbatas pada :*

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} N(t) \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h},$$

dan

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} M(t) \leq \frac{\Lambda_v}{\mu_v}.$$

BUKTI. Dari sistem (2) diketahui bahwa $N = S_h + I_h + R_h$ dan $M = U + V$ sehingga berlaku bahwa :

- 1) $0 \leq S_h(0) \leq N(t), 0 \leq I_h(0) \leq N(t)$ dan $0 \leq R_h(0) \leq N(t), \dots$
- 2) $0 \leq U \leq M$, dan $0 \leq V \leq M$

Dengan menjumlahkan total populasi manusia pada sistem (2), diperoleh :

$$\begin{aligned} \frac{dN(t)}{dt} &= \frac{dS_h(t)}{dt} + \frac{dI_h(t)}{dt} + \frac{dR_h(t)}{dt} \\ &= \Lambda_h - \mu_h(S_h(t) + I_h(t) + R_h(t)) - \delta I_h \\ &= \Lambda_h - \mu_h N(t) - \delta I_h \\ &\leq \Lambda_h - \mu_h N(t). \end{aligned} \tag{6}$$

Dengan metode pemisahan variabel diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{dN(t)}{dt} &= \Lambda_h - \mu_h N(t) - \delta I_h \\ &\leq \Lambda_h - \mu_h N(t) \\ \int \frac{dN(t)}{\Lambda_h - \mu_h N(t)} &\leq \int dt \\ -\frac{1}{\mu_h} \ln |\Lambda_h - \mu_h N(t)| &\leq t + C \\ \ln |\Lambda_h - \mu_h N(t)| &\leq -\mu_h(t + C) \\ \Lambda_h - \mu_h N(t) &\leq \exp(-\mu_h(t + C)) \end{aligned}$$

$$N(t) \leq \frac{\Lambda_h - \exp(-\mu_h(t + C))}{\mu_h}.$$

Saat $t \rightarrow \infty$ maka $N(t) \rightarrow \frac{\Lambda_h}{\mu_h}$ Berdasarkan persamaan sebelumnya maka

$$N(t) \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h} - \frac{\exp(-\mu_h(t + C))}{\mu_h}$$

sehingga diperoleh,

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} N(t) &= \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{\Lambda_h - \exp(-\mu_h(t + C))}{\mu_h} \\ &\leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h}. \end{aligned} \tag{7}$$

Hal yang sama untuk populasi nyamuk (M), diperoleh

$$\begin{aligned}
\frac{dM(t)}{dt} &= \frac{d}{dt}(U + V) \\
&= \frac{dU(t)}{dt} + \frac{dV(t)}{dt} \\
&= \Lambda_v + \mu_v(U + V) \\
&= \Lambda_v + \mu_v M(t)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\int \frac{dM(t)}{\Lambda_v + \mu_v M(t)} &\leq \int dt \\
-\frac{1}{\mu_v} \ln |\Lambda_v - \mu_v M(t)| &\leq t + C \\
\ln |\Lambda_v - \mu_v M(t)| &\leq -\mu_v(t + C) \\
\Lambda_v - \mu_v M(t) &\leq \exp(-\mu_v(t + C))
\end{aligned}$$

$$M(t) \leq \frac{\Lambda_v - \exp(-\mu_v(t + C))}{\mu_v}.$$

Saat $t \rightarrow \infty$ maka $M(t) \rightarrow \frac{\Lambda_v}{\mu_v}$. Berdasarkan persamaan sebelumnya maka

$$\begin{aligned}
M(t) &= \frac{\Lambda_v - \exp(-\mu_v(t + C))}{\mu_v} \\
&= \frac{\Lambda_v}{\mu_v} - \frac{\exp(-\mu_v(t + C))}{\mu_v}
\end{aligned}$$

sehingga diperoleh,

$$\begin{aligned}
\limsup_{t \rightarrow \infty} M(t) &= \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{\Lambda_v - \exp(-\mu_v(t + C))}{\mu_v} \\
&\leq \frac{\Lambda_v}{\mu_v}
\end{aligned} \tag{8}$$

dari persamaan 7 dan 8 yaitu

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} N(t) \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \quad \text{dan} \quad \limsup_{t \rightarrow \infty} M(t) \leq \frac{\Lambda_v}{\mu_v}$$

Sehingga dapat disimpulkan bahwa populasi manusia (N) dan populasi nyamuk (M) memiliki solusi terbatas.

Daerah Invarian Positif

Berdasarkan Teorema (II.1) tentang solusi kepositifan dan Teorema (II.2) tentang solusi keter-

batasan, dapat diperoleh daerah invarian positif sebagai berikut:

Akibat 3. Daerah $\Omega \subset \mathbb{R}_+^4$ merupakan invarian dari Sistem (2) dengan kondisi awal non-negatif di \mathbb{R}_+^4 dimana

$$\begin{aligned}
\{\Omega = \{(S_h(t), I_h(t), R_h(t), V(t)) \in \mathbb{R}_+^4 \\
: N \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h}, M \leq \frac{\Lambda_v}{\mu_v}\}
\end{aligned}$$

F. Basic Reproduction Number (\mathcal{R}_0)

Basic Reproduction Number (\mathcal{R}_0) merupakan banyaknya infeksi sekunder yang disebabkan oleh seorang individu yang terinfeksi primer selama periode infeksi di populasi yang semua individunya *susceptible* [19]. Untuk memperoleh \mathcal{R}_0 , maka harus membangaun NGM (*Next Generation Matrix*) terlebih dahulu. Pertama, lakukan linearisasi pada subsistem terinfeksi dari Sistem (2) untuk memperoleh matriks Jacobi di sekitar titik keseimbangan bebas penyakit. Kemudian, dengan mensubstitusi titik keseimbangan bebas penyakit (DFE) ke dalam matriks Jacobi sebagai berikut

$$\mathbf{J}|_{DFE} = \begin{bmatrix} -\alpha - \mu_h - \delta & \beta_h \\ \frac{M\beta_v\mu_h}{\Lambda_h} & -\mu_v \end{bmatrix}.$$

Dekomposisi matriks Jacobi yang telah disubstitusi dengan DFE menjadi $\mathbf{J} = \mathbf{T} + \mathbf{\Sigma}$, dengan \mathbf{T} merupakan bagian matriks transmisi yang berkaitan dengan proses penularan dan $\mathbf{\Sigma}$ merupakan bagian matriks transisi yang berkaitan dengan proses kompartemen infeksi (termasuk kematian dan pemberian imunisasi). Berdasarkan matriks Jacobi yang telah disubstitusi DFE, matriks transmisi dan transisi dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\mathbf{T} &= \begin{bmatrix} 0 & \beta_h \\ \frac{M\beta_v\mu_h}{\Lambda_h} & 0 \end{bmatrix}, \\
\mathbf{\Sigma} &= \begin{bmatrix} -\alpha - \mu_h - \delta & 0 \\ 0 & -\mu_v \end{bmatrix}.
\end{aligned}$$

Setelah diperoleh matriks \mathbf{T} dan Σ , NGM dari matriks-matriks tersebut dapat dihitung sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \text{NGM} &= -\mathbf{T}\Sigma^{-1} \\ &= \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta_h}{\mu_v} \\ \frac{M\beta_v\mu_h}{\Lambda_h(\alpha + \delta + \mu_h)} & 0 \end{bmatrix}. \end{aligned}$$

Dengan demikian, nilai \mathcal{R}_0 dari persamaan model adalah $\frac{M\beta_h\beta_v\mu_h}{\mu_v\Lambda_h(\alpha + \delta + \mu_h)}$.

G. Kestabilan Titik Keseimbangan Bebas Penyakit (DFE)

Titik DFE (*Disease-Free Equilibrium*) adalah keadaan di mana penyakit tidak pernah muncul dan menghilangkan seiring berjalannya waktu dalam suatu populasi. Pada sistem yang diberikan, ini dapat dinyatakan dengan tidak adanya kompartemen yang terinfeksi ($I_h = 0, V = 0$). Titik keseimbangan bebas penyakit untuk Sistem (2) dinyatakan sebagai berikut,

$$DFE = \left(S_h^\dagger, I_h^\dagger, R_h^\dagger, V^\dagger \right) = \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h}, 0, 0, 0 \right). \quad (9)$$

Setiap komponen pada DFE yang terdapat pada (9) memiliki nilai non-negatif. Oleh karena itu, DFE pada (9) memiliki makna biologis dengan kata lain titik DFE muncul tanpa ada syarat eksistensi. Selanjutnya akan diperiksa kestabilan titik keseimbangan bebas penyakit dari Sistem (2).

Teorema II.3. *Sistem persamaan (2) memiliki titik keseimbangan bebas penyakit yang bersifat stabil asimtotik lokal jika $\mathcal{R}_0 < 1$.*

BUKTI. Untuk menentukan kestabilan DFE dihitung matriks jacobii disekitar titik tersebut sebagai berikut.

$$\mathbf{J}|_{DFE} = \begin{bmatrix} -\mu_h & 0 & 0 & -\beta_h \\ 0 & -\alpha - \mu_h - \delta & 0 & \beta_h \\ 0 & \alpha & -\mu_h & 0 \\ 0 & \frac{\beta_v U \mu_h}{\Lambda_h} & 0 & -\mu_v \end{bmatrix}$$

Setelah memperoleh matriks $\mathbf{J}|_{DFE}$, selanjutnya dicari nilai *eigen* dari $\mathbf{J}|_{DFE}$.

$$\begin{aligned} &(\lambda + \mu_h)^2 \\ &\quad - \frac{(\beta_h\beta_v M\mu_h - \alpha\lambda\Lambda_h - \alpha\Lambda_h\mu_v - \delta\lambda\Lambda_h)}{\Lambda_h} \\ &\quad - \frac{(-\delta\Lambda_h\mu_v - \lambda^2\Lambda_h - \lambda\Lambda_h\mu_h - \lambda\Lambda_h\mu_v - \Lambda_h\mu_h\mu_v)}{\Lambda_h} \end{aligned} \quad (10)$$

Titik keseimbangan bebas penyakit akan stabil ketika nilai *eigen* $\mathbf{J}|_{DFE}$ bernilai negatif. Perhatikan persamaan (10), terdapat dua nilai *eigen* $\mathbf{J}|_{DFE}$ yang dapat dinyatakan secara eksplisit yaitu sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\mu_h < 0 \\ \lambda_2 &= -\mu_h < 0 \end{aligned} \quad (11)$$

Perhatikan persamaan $\beta_h\beta_v M\mu_h - \alpha\lambda\Lambda_h - \alpha\Lambda_h\mu_v - \delta\lambda\Lambda_h - \delta\Lambda_h\mu_v - \lambda^2\Lambda_h - \lambda\Lambda_h\mu_h - \lambda\Lambda_h\mu_v - \Lambda_h\mu_h\mu_v = 0$, yang dapat disederhanakan menjadi

$$a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0 = 0$$

dengan :

$$\begin{aligned} a_2 &= -\Lambda_h \\ a_1 &= -\Lambda_h(\alpha + \delta + \mu_h + \mu_v) \\ a_0 &= \beta_h\beta_v M\mu_h - \alpha\Lambda_h\mu_v - \delta\Lambda_h\mu_v - \Lambda_h\mu_h\mu_v \end{aligned}$$

Agar kedua akar negatif maka :

- 1) $\lambda_1\lambda_2 = \frac{a_0}{a_2} > 0$. Karena a_2 bernilai negatif, maka a_0 harus negatif, sehingga :

$$\beta_h \beta_v M \mu_h - \alpha \Lambda_h \mu_v - \delta \Lambda_h \mu_v - \Lambda_h \mu_h \mu_v < 0$$

$$\frac{\beta_h \beta_v M \mu_h}{\Lambda_h \mu_v (\alpha + \delta + \mu_h)} < 1$$

$$\mathcal{R}_0 < 1$$

2) $\lambda_1 + \lambda_2 = -\frac{a_1}{a_2} < 0$. Karena a_1 dan a_2 bernilai negatif, maka $\lambda_1 + \lambda_2 = -\frac{a_1}{a_2} < 0$ terpenuhi.

Terbukti bahwa DFE stabil asimtotik lokal ketika $\mathcal{R}_0 < 1$.

H. Kestabilan Titik Keseimbangan Endemik(EE)

Titik keseimbangan endemik (*endemic equilibrium point*) adalah keadaan ketika penyakit mewabah dalam suatu populasi. Dengan menggunakan perangkat lunak titik keseimbangan endemik tidak dapat diperoleh secara eksplisit. Namun, dapat dinyatakan dalam persamaan yang bergantung pada manusia terinfeksi penyakit DBD (I_h). Sehingga didapatkan titik keseimbangan endemik sebagai berikut,

$$S_h^\dagger = \frac{\alpha I_h + \delta I_h + \mu_h I_h - \Lambda_h}{\mu_h},$$

$$R_h^\dagger = \frac{\alpha I_h}{\mu_h},$$

$$V_h^\dagger = \frac{I_h M \beta_v \mu_h (a_v I_h + 1)}{I_h \delta \mu_v - I_h \beta_v \mu_h - \Lambda_h \mu_v} \frac{I_h M \beta_v \mu_h (a_v I_h + 1)}{I_h^3 \delta b_v \mu_v - I_h^2 \Lambda_h b_v \mu_v - I_h^2 a_v \beta_v \mu_h}$$
(12)

dan I_h merupakan solusi dari persamaan karakteristik berderajat enam yaitu :

$$p_6 I_h^6 + p_5 I_h^5 + p_4 I_h^4 + p_3 I_h^3 + p_2 I_h^2 + p_1 I_h + p_0 = 0.$$
(13)

dan berikut adalah Koefisien dari persamaan (13).

$$p_6 = -\delta^2 b_h b_v \mu_v (\alpha + \delta + \mu_h)$$

$$p_5 = \delta b_h (2 \Lambda_h b_v \mu_v + a_v \beta_v \mu_h) (\alpha + \delta + \mu_h)$$

$$p_4 = -(\Lambda_h^2 b_h b_v \mu_v + \Lambda_h a_v b_h \beta_v \mu_h + \delta^2 b_h \mu_v) + \delta^2 b_v \mu_v - \delta b_h \beta_v \mu_h (\alpha + \delta + \mu_h)$$

$$p_3 = -(\alpha + \delta + \mu_h) (M a_h a_v \beta_h \beta_v \mu_h) - (\alpha + \delta + \mu_h) (-2 \delta \Lambda_h b_h \mu_v) - (\alpha + \delta + \mu_h) (-2 \delta \Lambda_h b_v \mu_v) - (\alpha + \delta + \mu_h) (-\delta a_v \beta_v \mu_h + \Lambda_h b_h \beta_v \mu_h)$$

$$p_2 = -\beta_v (-\delta + a_v \Lambda_h + (M a_h + M a_v) \beta_h) \mu_h^2 + (\delta^2 + (-a_v \Lambda_h - M (a_h + a_v) \beta_h + \alpha)) \delta + a_v ((M a_h \beta_h - \alpha) \Lambda_h - M \beta_h \alpha (a_h + a_v)) \beta_v - \mu_v (\delta^2 + \Lambda_h^2 (b_h + b_v)) \mu_h$$

$$- (\alpha + \delta) \mu_v (\delta^2 + \Lambda_h^2 (b_h + b_v))$$

$$p_1 = -\beta_v (M \beta_h + \Lambda_h) \mu_h^2 + M (a_h + a_v) \beta_h \Lambda_h \mu_h + ((-\alpha - \delta) \beta_v + 2 \delta \mu_v) \Lambda_h \mu_h - M \beta_h \beta_v (\alpha + \delta) \mu_h + 2 \Lambda_h \delta \mu_v (\alpha + \delta)$$

$$p_0 = \Lambda_h (\mathcal{R}_0 - 1)$$

Variabel I_h merupakan solusi dari persamaan karakteristik berderajat enam, maka untuk mencari akar-akar positif dari I_h diperlukan bantuan aturan tanda Descartes [20], [21]. Perhatikan Gambar (2) berikut.

p_6																		-													
p_5																			+												
p_4																		-		+											
p_3																		-			+										
p_2																		-	+	-	+	-	+								
p_1																		-	+	-	+	-	+	-	+	-	+				
p_0																															-
Maksimal akar	2	4	4	4	4	4	6	4	4	2	4	4	4	4	2	4	2	4	2	2											

Gambar 2. Jumlah maksimum akar positif untuk I_h berdasarkan aturan Descartes

Gambar (2) menunjukkan jumlah maksimum akar positif untuk I_h berdasarkan aturan

Descartes. Selanjutnya karena titik endemik tidak dapat ditentukan secara implisit maupun eksplisit sehingga untuk mengetahui eksistensi titik keseimbangan endemik dilakukan secara numerik dengan menggunakan nilai-nilai pada Tabel II menghasilkan titik endemik sebagai berikut,

$$\begin{aligned} S_h &= 7.11492227 \times 10^{-2} \\ I_h &= 9.97202012 \times 10^{-2} \\ R_h &= 2.22980792 \times 10^0 \\ V &= 8.80076446 \times 10^3 \end{aligned}$$

Kestabilan titik endemik dilakukan dengan menghitung matriks jacobii disekitar titik endemik sebagai berikut,

$$\mathbb{J}_{EE} = \begin{bmatrix} j_{11} & j_{12} & j_{13} & j_{14} \\ j_{21} & j_{22} & j_{23} & j_{24} \\ j_{31} & j_{32} & j_{33} & j_{34} \\ j_{41} & j_{42} & j_{43} & j_{44} \end{bmatrix} \quad (14)$$

dengan :

$$\begin{aligned} j_{11} &= -356.0642604 & j_{12} &= 10.6658417 \\ j_{13} &= 10.87458392 & j_{14} &= -0.0029663749 \\ j_{21} &= 356.0495545 & j_{22} &= -11.05938067 \\ j_{23} &= -10.8745839 & j_{24} &= 0.0029663749 \\ j_{31} &= 0 & j_{32} &= 0.328833 \\ j_{33} &= -\frac{1}{68} & j_{34} &= 0 \\ j_{41} &= -519.1292035 & j_{42} &= 12077.02094 \\ j_{43} &= -519.1292035 & j_{44} &= -0.034590660 \end{aligned}$$

Nilai *eigen* untuk matriks (14) adalah sebagai berikut,

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -366.833342531656 \\ \lambda_2 &= -0.282988915094122 \\ \lambda_3 &= -0.0419002799316368 \\ \lambda_4 &= -0.0147058861585881 \end{aligned}$$

Semua nilai *eigen* memiliki bagian real negatif, sehingga diperoleh hasil sebagai berikut. KONJEKTUR. Sistem persamaan (2) memiliki titik keseimbangan endemik bersifat stabil asim-

totik lokal ketika $\mathcal{R}_0 > 1$.

I. Analisis Numerik

Informasi mengenai parameter-parameter yang digunakan dalam analisis numerik dapat ditemukan dalam Tabel II yang terlampir di bawah ini.

Tabel II
NILAI PARAMETER UNTUK SIMULASI NUMERIK

Parameter	Nilai	Referensi
Λ_h	$\frac{1000}{68 \times 365}$	[22]
μ_h	$\frac{1}{68}$	[22]
Λ_v	$\frac{1000}{28}$	[23]
α	0.328833	[24]
β_h	0.1	Asumsi
δ	0.05	Asumsi
a_h	0.01	Asumsi
β_v	0.03	Asumsi
b_h	0.01	Asumsi
μ_v	$\frac{1}{30}$	[23]

Pada Sistem (2), dilakukan analisis indeks sensitivitas pada bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) dimana parameter-parameter yang menjadi objek analisis sensitivitasnya adalah $\beta_h, \beta_v, \mu_h, \mu_v, \alpha, \delta$. Elastisitas \mathcal{R}_0 terhadap parameternya dilakukan dengan menghitung turunan parsial dari \mathcal{R}_0 terhadap setiap parameter dan mengevaluasinya di titik kesetimbangan. Pertama indeks sensitivitas \mathcal{R}_0 untuk β_h diperoleh,

$$\begin{aligned} \epsilon_{\beta_h}^{\mathcal{R}_0} &= \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \beta_h} \times \frac{\beta_h}{\mathcal{R}_0} \approx \frac{\% \Delta \mathcal{R}_0}{\% \Delta \beta_h} \\ &= \frac{M \beta_v \mu_h}{\mu_v \Lambda_h (\alpha + \delta + \mu_h)} \\ &= 834.73327472986080 \end{aligned}$$

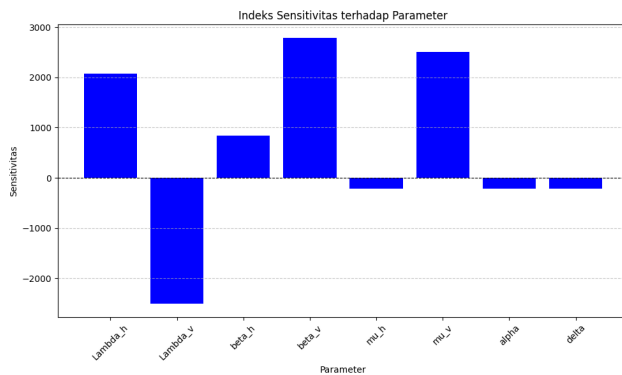
dengan cara yang sama, turunan parsial \mathcal{R}_0 terhadap masing-masing parameter lainnya. Nilai-nilai parameter yang digunakan untuk menghi-

tung indeks sensitivitas diberikan oleh Tabel II dan indeks sensitivitas atau nilai elastisitas \mathcal{R}_0 ditunjukkan pada Tabel III.

Tabel III
NILAI ELASTISITAS \mathcal{R}_0 TERHADAP PARAMETER

Parameter	Nilai Elastisitas
Λ_h	2071.80798787951430
Λ_v	-2504.1998241895817
μ_h	-212.10947943416656
α	-212.10947943416656
β_h	834.73327472986080
δ	-212.10947943416656
β_v	2782.44424909953570
μ_v	2504.19982418958170
a_h	0
b_h	0

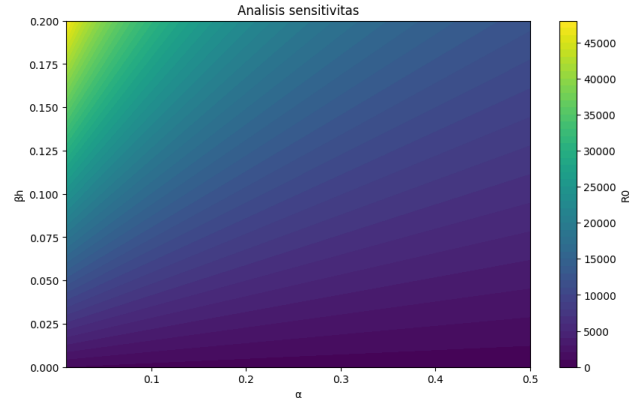
Sensitivitas atau elastisitas \mathcal{R}_0 terhadap parameter-parameternya menunjukkan, jika parameter bernilai positif maka \mathcal{R}_0 akan meningkat dan menurun ketika parameternya bernilai negatif [25]. Makna elastisitas dapat dilihat pada Gambar (3).



Gambar 3. Analisis sensitivitas terhadap parameter \mathcal{R}_0

Gambar (3) menunjukkan bagaimana nilai-nilai parameter membuat \mathcal{R}_0 meningkat ataupun

menurun. Berdasarkan Gambar (3) dilakukan analisis untuk makna hasil pada Tabel III yang ditunjukkan oleh Gambar (4).



Gambar 4. Analisis sensitivitas \mathcal{R}_0 terhadap parameter α dan β_h

Gambar (4) memperlihatkan analisis sensitivitas \mathcal{R}_0 terhadap α dan β_h yang menunjukkan bahwa laju infeksi dan laju kesembuhan adalah faktor penting yang memengaruhi nilai \mathcal{R}_0 penyakit demam berdarah. \mathcal{R}_0 meningkat dengan meningkatnya β_h , menandakan bahwa semakin tinggi laju infeksi, semakin tinggi pula nilai reproduksi dasar. Artinya, semakin mudah transmisi virus demam berdarah terjadi di antara individu, semakin banyak kasus yang akan muncul. Sebaliknya, \mathcal{R}_0 menurun dengan peningkatan α , menunjukkan bahwa semakin tinggi laju kesembuhan, semakin rendah nilai reproduksi dasar. Oleh karena itu, semakin cepat individu pulih dari infeksi, semakin kecil kemungkinan mereka untuk menularkan virus kepada orang lain.

III. KESIMPULAN

Dalam penelitian ini, telah dikembangkan sebuah model matematika untuk menginvestigasi penyebaran penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD), yang melibatkan kompartemen manusia dan nyamuk. Populasi manusia dibagi menjadi tiga sub-populasi (*SIR*), sedangkan populasi nyamuk terbagi menjadi dua sub-populasi (*UV*). Model tersebut kemudian dianalisis secara analitik dan numerik, termasuk analisis terhadap titik

keseimbangan bebas penyakit, titik keseimbangan endemik, *basic reproduction number* (\mathcal{R}_0), dan stabilitas titik keseimbangan bebas penyakit.

Analisis elastisitas dan sensitivitas menunjukkan bahwa laju penyembuhan memainkan peran penting dalam mengurangi jumlah manusia yang terinfeksi. Semakin tinggi laju penyembuhan, semakin besar pengurangan jumlah manusia yang terinfeksi. Selain itu, dalam konteks DBD, saturasi juga berperan dalam memengaruhi dinamika penyebaran penyakit tersebut. Saturasi dapat menggambarkan batasan alamiah dalam tingkat kontak yang dapat dilakukan oleh nyamuk terhadap manusia, dan hal ini dapat memengaruhi efektivitas penularan penyakit.

REFERENSI

- [1] Laura, L., Supriatna, A. K., Khumaeroh, M. S. dan Anggriani, N., "Biological and mechanical transmission models of dengue fever," *Communication in Biomathematical Sciences*, vol. 2, no. 1, pp. 12–22, 2018.
- [2] W. H. Organization, "Dengue and severe dengue," 2021. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>.
- [3] W. H. Organization, "Ending the neglect to attain the sustainable development goals – a road map for neglected tropical diseases 2021–2030," 2020. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240010352>.
- [4] Bhatt, S., Gething, P. W., Brady, O. J., Messina, J. P., Farlow, A. W., Moyes, C. L., ... & Myers, M. F., "The global distribution and burden of dengue," *nature*, vol. 496, no. 7446, pp. 504–507, 2013.
- [5] E. C. for Disease Prevention and Control, "Factsheet about dengue," 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/dengue-fever/facts>.
- [6] Wilder-Smith, A., "Dengue vaccine development by the year 2020: challenges and prospects," *Current Opinion in Virology*, vol. 43, 2020.
- [7] Schwartz, L. M., Halloran, M. E., Durbin, A. P., & Longini, I. M., "The dengue vaccine pipeline: Implications for the future of dengue control," *Vaccine*, 2015.
- [8] K. Kesehatan, "Kesiapsiagaan menghadapi peningkatan kejadian dbd tahun 2019," 2019. <https://p2p.kemkes.go.id/kesiapsiagaan-menghadapi-peningkatan-kejadian-demam-berdarah-dengue-tahun-2019/>.
- [9] Eguda, A. J., & Yakubu, F., "Analysis of a Mathematical Model to Investigate the Dynamics of Dengue Fever," *Journal of Applied Sciences and Environmental Management*, vol. 21, no. 4, 2017.
- [10] Edussuriya, C., Deegalla, S., & Gawarammana, I., "An accurate mathematical model predicting the number of dengue cases in the tropics," *PLoS Neglected Tropical Diseases*, vol. 15, no. 11, 2021.
- [11] Zhang, M., et al., "Epidemiological Characteristics and the Dynamic Transmission Model of Dengue Fever in Zhanjiang City, Guangdong Province in 2018," *Tropical Medicine and Infectious Disease*, vol. 7, no. 9, 2022.
- [12] Camargo, F. A., Oliveira, T. M., Rodrigues, D. S., Mancera, P. F. A., & Santos, F. L. P., "A Mathematical Model for Accessing Dengue Hemorrhagic Fever in Infants," *Trends in Computational and Applied Mathematics*, vol. 23, no. 1, 2022.
- [13] Side, S., Zaki, A., & Sari, N., "Analisis Model Matematika Penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan Fungsi Lyapunov," *Journal of Mathematics, Computations, and Statistics*, vol. 1, no. 2, 2019.
- [14] Olarte, J. A., & Muñoz, A., "Modeling the dengue fever transmission in a periodic environment," *Revista Colombiana de Matemáticas*, vol. 55, no. 1, 2021.
- [15] Hou, J., Ye, W., & Chen, J., "Current Development and Challenges of Tetravalent Live-Attenuated Dengue Vaccines," *Frontiers in Immunology*, 2022.
- [16] Prompetchara, E., Ketloy, C., Thomas, S. J., & Ruxrungtham, K., "Dengue vaccine: Global development update," *Asian Pacific Journal of Allergy and Immunology*, vol. 38, no. 3, 2020.
- [17] Wilder-Smith, A., "Dengue vaccine development: status and future," *Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz*, 2020.
- [18] Agosto, F.B. dan Khan, M.A., "Optimal strategies for dengue transmission in Pakistan," *Mathematical Bioscience*, 2018.
- [19] Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Metz, J. A. J., "On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations," *Journal of Mathematical Biology*, vol. 28, no. 4, 1990.
- [20] Cameron T., R.Psarrakos P. J., "On descartes' rule of signs for matrix polynomials," *Operator and Matrices*, 2019.
- [21] Feliu E., Telek M. L., "On generalizing Descartes' rule of signs to hypersurfaces. Advances in Mathematics," vol. 408, p. 3477–3491, 2022.
- [22] T. W. B. Data, "Life expectancy at birth, total (years)-indonesia," 2021. <https://data.worldbank.org/indicator/SP.DYN.LE00.IN?locations=ID>.
- [23] W. M. Program, "How long does an aedes aegypti mosquito live and how far does it fly?," 2018. <https://www.worldmosquitoprogram.org/en/learn/faqs>.
- [24] S. Side and S. M. Noorani., "A SIR model for spread of dengue fever disease (simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia)," *World Journal of Modelling and Simulation*, vol. 9, no. 2, p. 96–105, 2013.
- [25] Martcheva, M., "An Introduction to Mathematical Epidemiology," 2015.