

Pemodelan Matematika SEIRD-SEI pada Dinamika Penyebaran Demam Berdarah *Dengue* dengan Mempertimbangkan Faktor Suhu

Indriasri Raming¹, Izzaty Farha¹, Andine Novia Ramadhani^{1,*}, Yoga Agus Pratama¹, Rachel Cornelia Simanjuntak¹, Della Eva Youlistia¹

¹ Program Studi Matematika, Jurusan Matematika, Universitas Mulawarman

Dikirim: Juni 2025;

Diterima: Maret 2026;

Dipublikasi: Maret 2026

Alamat Email Korespondensi: andinoviaa@gmail.com

Abstrak

Penelitian ini mengembangkan model matematika SEIRD-SEI (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered, Death, Susceptible, Exposed, dan Infected*) untuk merepresentasikan dinamika penyebaran penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) dengan mempertimbangkan pengaruh suhu (27°C, 34°C, dan 40°C). Model ini menambahkan kompartemen Death (D_h) dalam populasi manusia untuk menggambarkan kematian akibat infeksi DBD, yang menjadikannya lebih realistis dibandingkan model SEIRS-SEI sebelumnya. Pengaruh suhu dimasukkan melalui fungsi mortalitas nyamuk $\mu_v(T)$ karena faktor ini signifikan dalam memengaruhi populasi nyamuk dan manusia yang terinfeksi, serta penyebaran penyakit. Selain itu, dilakukan analisis terhadap titik kesetimbangan bebas penyakit ($\mathcal{E}_0$) dan titik kesetimbangan endemik ($\mathcal{E}^*$), serta penentuan nilai bilangan reproduksi dasar (R_0) menggunakan metode *Next Generation Matrix* (NGM), yang menunjukkan apakah penyakit dapat dikendalikan. Hasil simulasi kuantitatif menunjukkan bahwa pada suhu 34°C, populasi manusia rentan (S_h) meningkat hingga berkisar 32.000 pada hari ke-100, dengan puncak manusia terinfeksi (I_h) berkisar 10.000 pada hari ke-150 dan puncak nyamuk terinfeksi (I_v) berkisar 60.000 pada hari ke-85. Pada suhu rendah 27°C, laju penularan tertekan dengan puncak I_h turun menjadi berkisar 8.500 pada hari ke-190, sedangkan suhu ekstrem 40°C menekan transmisi akibat tingginya mortalitas nyamuk sehingga puncak I_h dan I_v tertahan di berkisar 8.500 (hari ke-190) dan berkisar 57.000 (hari ke-82). Model yang dikembangkan diharapkan mampu memberikan kontribusi dalam upaya pengendalian serta mitigasi penyebaran DBD.

Kata Kunci:

Demam Berdarah *Dengue*, model SEIRD-SEI, suhu.

PENDAHULUAN

Demam Berdarah *Dengue* (DBD) masih menjadi salah satu permasalahan kesehatan yang perlu mendapat perhatian di Indonesia. Penyakit tersebut terjadi akibat infeksi virus *dengue* yang penularannya diperantarai oleh nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* sebagai vektor [2]. Virus *dengue* termasuk virus RNA untai positif yang berada dalam genus *Flavivirus* dan famili *Flaviviridae*. Virus ini diketahui memiliki empat serotipe, yaitu DEN-1, DEN-2, DEN-3, dan DEN-4. Penularan DBD umumnya berlangsung melalui gigitan nyamuk betina *Aedes aegypti* yang telah membawa virus *dengue*. Di samping *Aedes aegypti*, terdapat beberapa spesies nyamuk lainnya yang juga berpotensi menjadi vektor DBD, antara lain *Aedes scutellaris*, *Aedes albopictus*, dan *Aedes polynesiensis*, meskipun spesies-spesies tersebut relatif lebih jarang dijumpai [6].

Peningkatan maupun penyebaran kasus Demam Berdarah *Dengue* (DBD) di suatu wilayah dipengaruhi oleh berbagai faktor yang saling berkaitan, seperti manusia, vektor berupa nyamuk, virus *dengue*, serta kondisi lingkungan. Dalam kajian epidemiologi, proses penularan DBD melibatkan manusia sebagai inang dan nyamuk sebagai vektor [1]. Siklus perkembangan virus *dengue* berlangsung melalui dua tahapan inkubasi, yaitu inkubasi ekstrinsik dan inkubasi intrinsik. Tahap inkubasi ekstrinsik berlangsung di dalam tubuh nyamuk, ketika virus bereplikasi selama kurang lebih 4–10 hari hingga akhirnya mencapai kelenjar ludah nyamuk. Di sisi lain, terdapat individu yang telah terinfeksi virus *dengue* tetapi tidak memperlihatkan gejala klinis [5]. *Aedes aegypti* merupakan salah satu spesies nyamuk yang banyak ditemukan di wilayah tropis dan memiliki kemampuan yang tinggi dalam mempertahankan serta menularkan virus. Kemampuan tersebut didukung oleh sifatnya yang adaptif terhadap lingkungan permukiman manusia dan kemampuan berkembang biak yang baik pada lingkungan tersebut [3]. Seekor nyamuk yang telah terinfeksi juga dapat menularkan virus kepada lebih dari satu individu dalam waktu yang relatif singkat dan melalui lebih dari satu gigitan. Di Indonesia, kasus DBD pertama kali dilaporkan di Surabaya pada tahun 1958. Pada saat itu, tercatat 58 orang terinfeksi dan sebanyak 24 orang di antaranya meninggal dunia [4].

Penelitian ini mengusulkan pengembangan model matematika SEIRD-SEI untuk memodelkan penyebaran penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) dengan mempertimbangkan pengaruh suhu terhadap dinamika penyakit. Selain itu, model yang dikembangkan juga memasukkan kompartemen *Death* (D) yang merepresentasikan kematian. Berbeda dengan model SEIRS-SEI sebelumnya yang hanya mempertimbangkan kompartemen *Susceptible*, *Exposed*, *Infected*, dan *Recovered*, model ini menambahkan kompartemen baru dengan mempertimbangkan kematian sebagai akibat dari infeksi DBD. Penambahan kompartemen *Death* memberikan pendekatan yang lebih realistis dan komprehensif dalam memodelkan penyebaran DBD, terutama dalam kondisi epidemi yang lebih parah. Dengan mempertimbangkan faktor suhu, model ini juga dapat lebih akurat dalam memprediksi dampak perubahan iklim terhadap penyebaran penyakit dan tingkat keparahan DBD, menjadikannya alat yang lebih efektif dalam strategi pengendalian dan mitigasi penyakit.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini bertujuan mengonstruksi model matematika untuk strategi pengendalian epidemi DBD dengan mempertimbangkan beberapa bentuk pengendalian terhadap penyebaran penyakit pada populasi manusia. Dalam pemodelan tersebut, populasi manusia dibagi ke dalam empat kelas, yaitu *Susceptible*, *Infected*, *Removed*, dan *Death*. Sementara itu, populasi vektor diasumsikan berada dalam kelas *Infected* sebagai vektor penularan. Model yang dikembangkan merupakan modifikasi dari model matematika penyebaran penyakit SEIR dengan menambahkan kompartemen *Death* sehingga diperoleh model SEIRD. Tahapan pengembangan model yang dilakukan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Populasi manusia (*host*) dibagi ke dalam beberapa kelas, yaitu *Susceptible* ($S(t)$) yang menyatakan jumlah individu yang rentan terhadap infeksi dan dapat tertular penyakit, *Infectious* ($I(t)$) yang merepresentasikan jumlah individu yang sedang terinfeksi, *Recovered* ($R(t)$) yang menunjukkan jumlah individu yang telah pulih dari penyakit dan memiliki kemungkinan kembali ke kelas *Susceptible*, *Death* ($D(t)$) yang menyatakan jumlah individu yang meninggal akibat penyakit, dan populasi vektor dimodelkan dalam kelas *Infectied* ($V(t)$).

2. Model dikembangkan berdasarkan beberapa asumsi, antara lain laju kelahiran pada populasi manusia dan nyamuk dianggap konstan, serta proses penularan diasumsikan hanya berlangsung antara nyamuk dan manusia. Selain itu, model tidak mempertimbangkan kematian manusia yang disebabkan oleh penyakit, tetapi memperhitungkan pengaruh suhu terhadap dinamika populasi nyamuk.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Konstruksi Model Matematika

Individu yang berada dalam kelas *Susceptible* (rentan) terhadap virus *dengue* akan melalui periode inkubasi sekitar 7 hingga 10 hari sebelum gejala penyakit muncul dan individu tersebut masuk ke dalam kelas *Infected*. Demikian pula pada populasi nyamuk, individu yang berada dalam kelas rentan setelah mengisap darah manusia yang terinfeksi akan melalui periode inkubasi selama 4 hingga 7 hari sebelum menjadi nyamuk yang terinfeksi. Setelah dinyatakan sembuh dari DBD, seseorang akan memiliki kekebalan terhadap serotipe virus *dengue* yang sebelumnya menginfeksinya. Namun, kondisi tersebut dapat menyebabkan individu menjadi lebih rentan terhadap infeksi oleh serotipe virus *dengue* lainnya.

Atas dasar karakteristik tersebut, penelitian ini mengembangkan model SEIRD-SEI yang merepresentasikan interaksi antara manusia sebagai *host* dan nyamuk sebagai vektor dalam proses penyebaran DBD. Pada populasi manusia, model terdiri atas lima kategori, yaitu *Susceptible* (Rentan), *Exposed* (Terpapar), *Infected* (Terinfeksi), *Recovered* (Sembuh), dan *Death* (Meninggal). Sementara itu, populasi nyamuk dibagi menjadi tiga kategori, yaitu *Susceptible* (Rentan), *Exposed* (Terpapar), dan *Infected* (Terinfeksi). Faktor suhu turut dimasukkan ke dalam model karena perubahan suhu dapat memengaruhi tingkat kematian pada populasi nyamuk. Untuk menyederhanakan proses pemodelan dan analisis, model disusun berdasarkan sejumlah asumsi tertentu dengan tetap mempertahankan karakteristik utama dari kondisi penyebaran DBD yang sebenarnya.

Asumsi-asumsi yang digunakan dalam pengembangan model adalah sebagai berikut:

1. Laju Kelahiran dan Kematian Manusia Konstan: Populasi manusia dianggap mengalami kelahiran dan kematian alami secara konstan selama periode studi.
2. Penularan Virus Hanya Melalui Gigitan Nyamuk: Manusia hanya akan mengalami infeksi virus *dengue* melalui gigitan nyamuk yang berada dalam kompartemen *Infected*.
3. Infeksi Hanya Terjadi pada Manusia Rentan (*Susceptible*): Penularan virus *dengue* pada manusia hanya terjadi pada individu yang berada dalam kompartemen *Susceptible* melalui gigitan nyamuk yang berada dalam kompartemen *Infected*. Individu pada kompartemen *Recovered* tidak dimasukkan sebagai individu yang kembali rentan dalam model.
4. Masa Inkubasi pada Manusia: Setelah manusia digigit nyamuk yang terinfeksi, mereka masuk ke kompartemen *Exposed* dan menjalani masa inkubasi 7-10 hari sebelum masuk ke kompartemen *Infected*.
5. Individu yang Pulih dari Infeksi: Individu yang telah pulih dari infeksi berpindah dari kompartemen *Infected* ke kompartemen *Recovered* dan tetap berada pada kompartemen tersebut selama periode simulasi. Model ini tidak mempertimbangkan hilangnya kekebalan atau perpindahan kembali dari kompartemen *Recovered* ke *Susceptible*.

6. Kematian yang Disebabkan oleh Infeksi DBD Dimasukkan ke Kompartemen *Death*: Manusia yang meninggal akibat DBD pindah ke kompartemen *Death*, dan ini berbeda dari kematian alami.
7. Kelahiran dan Mortalitas Populasi Nyamuk: Laju kelahiran nyamuk diasumsikan konstan selama periode simulasi, sedangkan laju kematian nyamuk bergantung pada suhu lingkungan. Dengan demikian, perubahan suhu dapat memengaruhi mortalitas nyamuk melalui fungsi mortalitas yang digunakan dalam model.
8. Nyamuk Hanya Memperoleh Virus dari Manusia yang Terinfeksi: Nyamuk dapat terinfeksi hanya ketika menggigit manusia yang berada dalam kompartemen *Infected*.
9. Periode Inkubasi Virus pada Nyamuk: Setelah nyamuk menggigit manusia yang mengalami infeksi, virus membutuhkan waktu 4-7 hari untuk berkembang di dalam nyamuk sebelum nyamuk bisa menularkan virus ke manusia lain.
10. Tidak Ada Kematian Karena Virus Dengue pada Nyamuk: Nyamuk tidak mati akibat virus dengue, tetapi kematian nyamuk terjadi karena faktor alami, yang utamanya dipengaruhi oleh suhu.
11. Nyamuk Hanya Menularkan Satu Jenis Virus Dengue: Setiap nyamuk yang terinfeksi hanya dapat membawa dan menularkan satu serotipe virus dengue.
12. Pengaruh Suhu terhadap Mortalitas Nyamuk: Mortalitas nyamuk diasumsikan bergantung pada suhu lingkungan. Hubungan antara suhu dan mortalitas direpresentasikan melalui fungsi mortalitas dengan suhu lingkungan. Fungsi tersebut digunakan untuk menggambarkan bahwa suhu yang berada di luar kisaran optimal dapat meningkatkan mortalitas nyamuk. Bentuk fungsi dan nilai parameter yang digunakan ditentukan berdasarkan parameterisasi dari penelitian terdahulu mengenai pengaruh suhu terhadap kelangsungan hidup dan dinamika populasi *Aedes aegypti*.

Berdasarkan skenario dan asumsi yang telah ditetapkan, diperlukan penentuan definisi setiap kompartemen beserta parameter yang digunakan dalam model. Untuk memastikan setiap kompartemen dan parameter memiliki interpretasi biologis yang sesuai, seluruh nilainya diasumsikan non-negatif. Adapun variabel yang digunakan untuk merepresentasikan kompartemen dalam model disajikan pada Tabel 1 berikut.

Tabel 1. Variabel Kompartemen Model SEIRD-SEI

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
$D_h(t)$	Manusia <i>Death</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

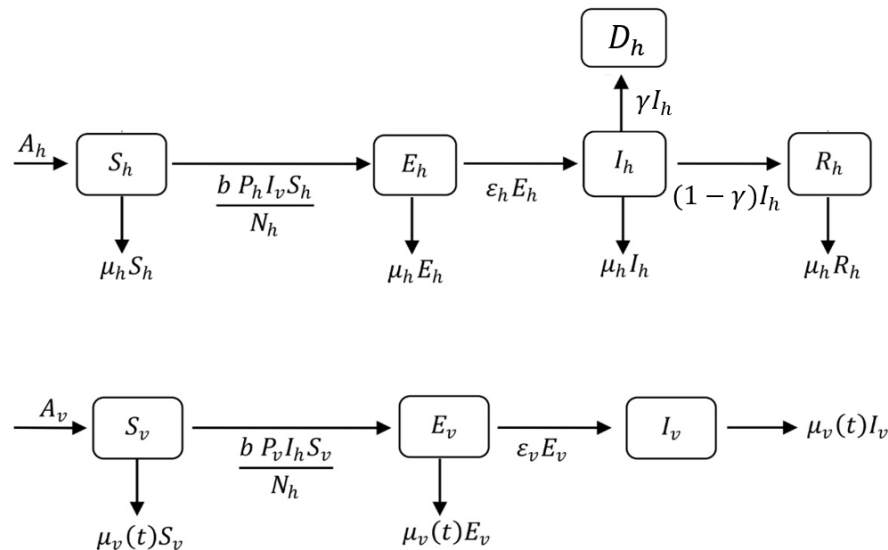
Adapun parameter yang digunakan dalam penyusunan model beserta keterangannya disajikan pada Tabel 2 berikut.

Tabel 2. Parameter pada Model SEIRD-SEI

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
μ_h	Laju kematian alami pada manusia persatuan waktu	1/satuan waktu
ε_h	Laju transisi dari manusia <i>exposed</i> menjadi manusia <i>infected</i> .	1/satuan waktu
γ_h	Laju transisi dari manusia <i>infected</i> menjadi manusia <i>death</i> .	1/satuan waktu
I_h	Jumlah manusia yang terinfeksi	Manusia/satuan waktu
$1 - \gamma_h$	Laju transisi dari manusia <i>infected</i> menjadi manusia <i>recovery</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 peluang kematian harian nyamuk	1/satuan waktu
ε_v	Laju transisi dari nyamuk <i>exposed</i> menjadi nyamuk <i>infected</i> .	1/satuan waktu

Transmisi virus *dengue* dalam penyebaran penyakit DBD berlangsung melalui interaksi antara populasi manusia dan populasi nyamuk. Pada populasi manusia, kompartemen terdiri atas S_h (manusia sehat dan rentan), E_h (manusia terinkubasi), I_h (manusia terinfeksi), R_h (manusia *recovery*), dan D_h (manusia yang meninggal) dengan S_v (nyamuk sehat dan rentan tertular virus), E_v (nyamuk terinfeksi virus namun masih dalam masa inkubasi) dan I_v (nyamuk terinfeksi). Interaksi antarkompartemen tersebut menggambarkan mekanisme penularan DBD antara manusia sebagai *host* dan nyamuk sebagai vektor. Gambaran mengenai proses transmisi penyakit DBD disajikan melalui diagram interaksi berikut.

Model host-vektor pada model SEIRD-SEI merepresentasikan dinamika interaksi populasi manusia dan nyamuk yang berlangsung seiring waktu t . Awalnya, populasi manusia *Susceptible* (S_h) berinteraksi dengan nyamuk *Infected* (I_v). Ketika transmisi virus DBD berhasil, manusia dari kompartemen *Susceptible* (S_h) berpindah menjadi *Exposed* (E_h). Setelah melalui masa inkubasi, *Exposed* (E_h) berubah menjadi *Infected* (I_h). Kemudian, setelah melalui fase infeksi, manusia berpindah ke kompartemen *Recovered* (R_h) atau, manusia berpindah ke kompartemen *Death* (D_h). Pada tahap ini, manusia dianggap sembuh dan kebal untuk sementara waktu. Namun, setelah beberapa waktu, kekebalan ini hilang dan mereka kembali menjadi *Susceptible* (S_h). Diagram transmisi model SEIRD-SEI pada kajian ini disajikan pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram Transmi Model SEIRD-SEI

Untuk populasi nyamuk, interaksi terjadi ketika nyamuk *Susceptible* (S_v) menggigit manusia yang *Infected* (I_h). Setelah gigitan berhasil, nyamuk berpindah ke kompartemen *Exposed* (E_v), dan setelah masa inkubasi, nyamuk berpindah ke kompartemen *Infected* (I_v), di mana nyamuk tersebut dapat menularkan virus DBD ke manusia rentan lainnya.

Populasi nyamuk dalam model ini dikelompokkan ke dalam tiga kompartemen, antara lain:

- Populasi nyamuk sehat dan rentan: Kompartemen ini merepresentasikan nyamuk yang belum terinfeksi dan masih memiliki kerentanan terhadap virus. Jumlah nyamuk pada kompartemen tersebut bertambah akibat kelahiran dengan laju tertentu per satuan waktu.
- Populasi nyamuk pada fase inkubasi: Kompartemen ini terdiri atas nyamuk yang telah terinfeksi virus, tetapi masih berada dalam masa inkubasi sehingga belum mampu menularkan virus kepada manusia.
- Populasi nyamuk terinfeksi: Kompartemen ini mencakup nyamuk yang telah menyelesaikan masa inkubasi dan telah mampu menularkan virus kepada manusia. Jumlah nyamuk dalam kompartemen ini meningkat akibat perpindahan nyamuk dari fase inkubasi ke fase terinfeksi dengan laju tertentu per satuan waktu.

Berdasarkan uraian dan definisi kompartemen yang telah dijelaskan, selanjutnya dapat dirumuskan model matematika yang menggambarkan dinamika perubahan jumlah populasi manusia dan nyamuk pada masing-masing kompartemen *host-vector* dalam setiap satuan waktu sebagai berikut:

$$\frac{dS_h}{dt} = A_h - \frac{b P_h I_v S_h}{N_h} - \mu_h S_h \quad (1)$$

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

$$\frac{dI_h}{dt} = \varepsilon_h E_h(t) - (\gamma + \mu_h) I_h - (1 - \gamma) I_h \quad (3)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = (1 - \gamma) I_h - \mu_h R_h \quad (4)$$

$$\frac{dD_h}{dt} = \gamma_h I_h \quad (5)$$

$$\frac{dS_v}{dt} = A_v - \frac{bP_v I_h S_v}{N_h} - \mu_v S_v \quad (6)$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \frac{bP_v I_h S_v}{N_h} - (\varepsilon_v + E_v) E_v \quad (7)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \varepsilon_v E_v - \mu_v I_v \quad (8)$$

Diasumsikan semua nilai parameter positif, sebagai berikut:

$$A_h > 0, b > 0, P_h > 0, \omega_h > 0, \mu_h > 0, \varepsilon_h > 0, \delta_h > 0, \alpha_h > 0, A_v > 0, P_v > 0, \varepsilon_v > 0.$$

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

Titik Keseimbangan

Berdasarkan model yang telah dikonstruksi, diperoleh dua titik keseimbangan, yaitu titik keseimbangan endemik (*Endemic Equilibrium/EE*) dan titik keseimbangan bebas penyakit (*Disease-Free Equilibrium/DFE*). Uraian mengenai masing-masing titik keseimbangan tersebut disajikan sebagai berikut.

Titik Non-endemik:

$\epsilon_0(S_{h_0}, E_{h_0}, I_{h_0}, R_{h_0}, S_{v_0}, E_{v_0}, I_{v_0}) = \left(\frac{A_h}{\mu_h}, 0, 0, 0, \frac{A_v}{\mu_v}, 0, 0\right)$, titik keseimbangan bebas penyakit senantiasa ada dalam model.

Titik Endemik:

$$\epsilon^*(S_h^*, E_h^*, I_h^*, R_h^*, S_v^*, E_v^*, I_v^*) \quad (9)$$

Didefinisikan:

$$A = N_h \mu_v (\varepsilon_v \mu_h^2 + \varepsilon_v \mu_h \varepsilon_h + \mu_v \mu_h^2 + \mu_v \mu_h \varepsilon_h + \varepsilon_v \mu_h + \varepsilon_v \varepsilon_h + \mu_v \mu_h + \mu_v \varepsilon_h) \quad (10)$$

$$B = N_h \mu_v (\varepsilon_v \mu_h + \varepsilon_v \varepsilon_h + \mu_v \mu_h + \mu_v \varepsilon_h) \quad (11)$$

$$C = \mu_h + \varepsilon_h \quad (12)$$

$$D = P_h b \mu_v (\mu_h^2 + \mu_h \varepsilon_h + \mu_h + \varepsilon_h) \quad (13)$$

$$E = P_h b \mu_v (b \mu_h \varepsilon_h P_v + \mu_v \mu_h^2 + \mu_v \mu_h \varepsilon_h + \mu_v \mu_h + \mu_v \varepsilon_h) \quad (14)$$

Sehingga:

$$S_h^* = \frac{N_h^2 \mu_v E C}{P_v \varepsilon_h b (A_v b P_h \varepsilon_v + N_h \varepsilon_v \mu_v \mu_h + N_h \mu_v^2 \mu_h)} \quad (15)$$

$$E_h^* = \frac{(N_h \mu_h (A_v b^2 P_h \varepsilon_v P_v - \mu_v A))}{P_v \varepsilon_h b (A_v b P_h \varepsilon_v C + A - B)} \quad (16)$$

$$I_h^* = \frac{(N_h \mu_h (A_v b^2 P_h \varepsilon_v P_v - \mu_v A))}{P_v b (\mu_h + 1) (A_v b P_h \varepsilon_v C + A - B)} \quad (17)$$

$$R_h^* = \frac{(N_h (1 - \gamma) (A_v b^2 P_h \varepsilon_v \varepsilon_h P_v - A))}{P_v b (\mu_h + 1) (A_v b P_h \varepsilon_v C + A - B)} \quad (18)$$

$$S_v^* = \frac{(\mu_h + 1) (A_v b P_h \varepsilon_v C + A - B)}{P_h \varepsilon_v b E} \quad (19)$$

$$E_v^* = \frac{(\mu_h (A_v b^2 P_h \varepsilon_v \varepsilon_h P_v - A))}{\varepsilon_v C (D + b^2 P_h \mu_h \varepsilon_h P_v)} \quad (20)$$

$$I_v^* = \frac{(\mu_h(A_v b^2 P_h \varepsilon_v \varepsilon_h P_v - A))}{\mu_v C(D + b^2 P_h \mu_h \varepsilon_h P_v)} \quad (21)$$

Penentuan bilangan reproduksi dasar merupakan salah satu bagian penting dalam analisis model penyebaran penyakit. Bilangan reproduksi dasar yang dinotasikan dengan (R_0) menunjukkan rata-rata jumlah infeksi baru yang dapat ditimbulkan oleh satu individu terinfeksi selama periode infeksi pada suatu populasi yang sepenuhnya rentan. Jika ($R_0 > 1$), maka setiap individu yang terinfeksi berpotensi menularkan penyakit kepada lebih dari satu individu sehingga penyakit dapat menyebar dalam populasi. Sebaliknya, apabila ($R_0 < 1$), titik kesetimbangan bebas penyakit menjadi stabil sehingga penyebaran penyakit cenderung dapat dikendalikan. Nilai bilangan reproduksi dasar tersebut selanjutnya dapat ditentukan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM), sebagai berikut:

$$\mathcal{F}(\epsilon^*) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & \frac{bP_h I_v S_h}{N_h} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{bP_v I_h S_v}{N_h} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (22)$$

$$V = \begin{bmatrix} \varepsilon_h + \mu_h & 0 & 0 & 0 \\ -\varepsilon_h & \gamma_h + \mu_h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \varepsilon_v + \mu_v & 0 \\ 0 & 0 & -\varepsilon_v & \mu_v \end{bmatrix} \quad (23)$$

Dengan FV^{-1} diperoleh

$$R_0 = \left(\sqrt{\frac{b^2 P_h P_v}{(\varepsilon_h + \mu_h)(\mu_v + \varepsilon_h)}} \right) \quad (24)$$

$\epsilon^*(S_h^*, E_h^*, I_h^*, R_h^*, S_v^*, E_v^*, I_v^*)$, titik kesetimbangan endemik ϵ^* akan eksis jika Substitusi titik non-endemik menjadi Matriks Jacobian pada titik $\epsilon^*(S_h^*, E_h^*, I_h^*, R_h^*, S_v^*, E_v^*, I_v^*)$

$$R_0 > 1 \quad (25)$$

$$\sqrt{\frac{b^2 P_h P_v}{(\varepsilon_h + \mu_h)(\mu_v + \varepsilon_h)}} > 1 \quad (26)$$

$$\frac{b^2 P_h P_v}{(\varepsilon_h + \mu_h)(\mu_v + \varepsilon_h)} > 1 \quad (27)$$

Next Generation Matrix dan Basic Reproduction Number pada Model SEIRD-SEI dengan μ_v Konstan

$$NGM = \begin{bmatrix} 0 & 0 & \frac{bP_h S_h}{N_h(\varepsilon_v + \mu_v)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{bP_v S_v \varepsilon_h}{N_h(\varepsilon_h + \mu_h)} & \frac{bP_v S_v}{N_h(\gamma + \mu_h)} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (28)$$

1. Entri $\frac{bP_h S_h}{N_h(\varepsilon_v + \mu_v)}$ menunjukkan laju infeksi baru yang terjadi dari populasi rentan manusia (S_h) ke populasi terinfeksi vektor (I_v).
2. Entri $\frac{bP_v S_v \varepsilon_h}{N_h(\varepsilon_h + \mu_h)}$ menunjukkan laju infeksi baru yang terjadi dari populasi rentan vektor (S_v) ke populasi terinfeksi manusia (I_h).
3. Entri $\frac{bP_v S_v}{N_h(\gamma + \mu_h)}$ Ini menunjukkan transisi dari I_h ke R_h (kompartemen pulih manusia), dengan memperhitungkan laju pemulihan (γ_h) dan kematian (μ_h).

Hasil Simulasi Numerik Model SEIRD-SEI

Simulasi model dilakukan dengan mengacu nilai parameter dan nilai awal pada penelitian sebelumnya [3]. Adapun nilai parameter yang digunakan dalam model disajikan pada Tabel 3.

Tabel 3. Nilai Parameter Model SEIRD-SEI

A_h	ω_h	μ_h	b	p_v	δ_h	p_h	ε_v	ε_h
1000	1	1	1,5	0,1	1	1	1	1
65×365	14	65×365			21	4	7	10

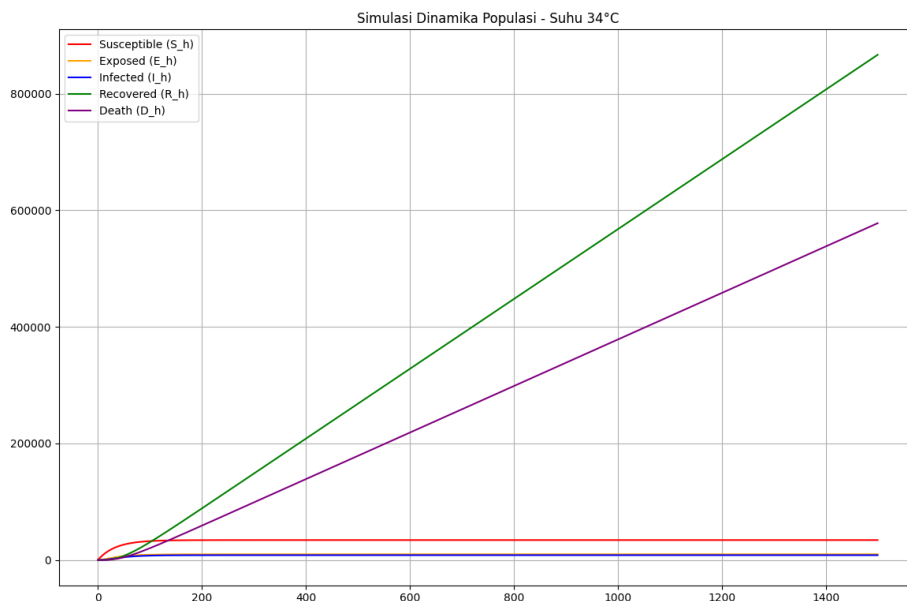
Adapun nilai awal yang digunakan dalam simulasi disajikan pada Tabel 4.

Tabel 4. Nilai Awal Varibel Model SEIRD-SEI

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

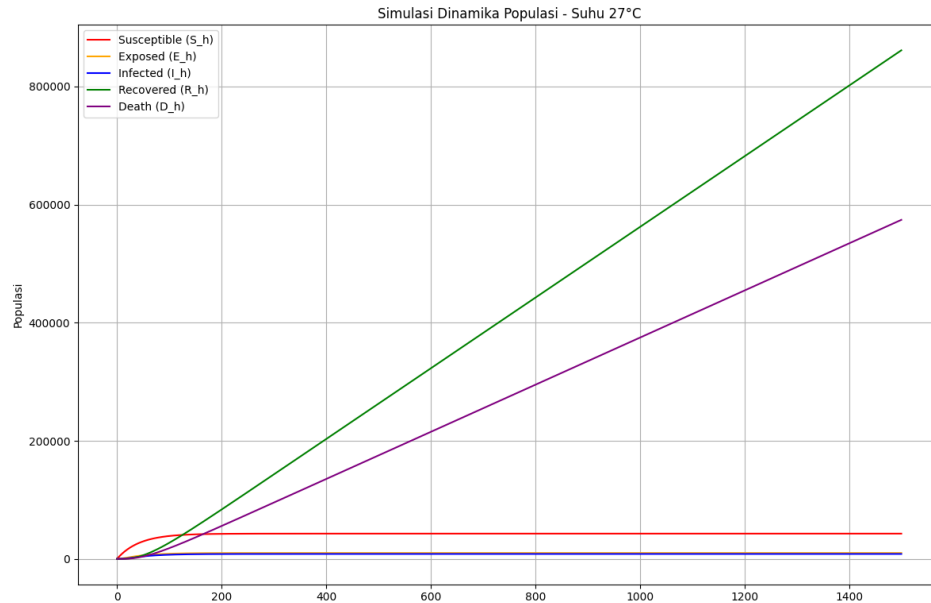
Simulasi numerik dilakukan untuk mengetahui dinamika populasi manusia dan nyamuk pada beberapa variasi suhu lingkungan. Dalam model ini, suhu lingkungan dilambangkan dengan T dan dinyatakan dalam satuan derajat Celsius ($^{\circ}\text{C}$). Adapun hasil simulasi perubahan populasi manusia:

1. Dengan suhu 34 $^{\circ}\text{C}$



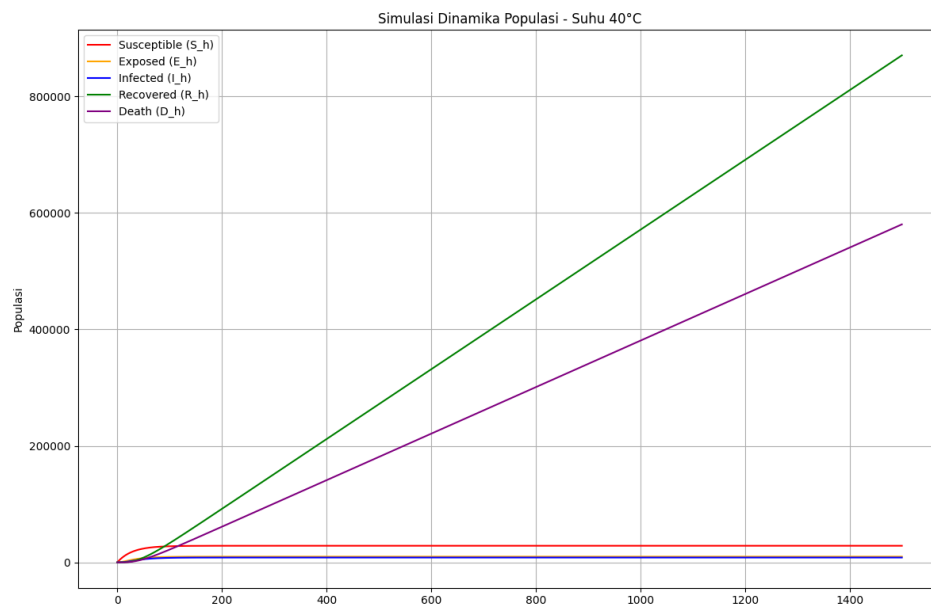
Gambar 2a. Simulasi Model SEIRD-SEI Populasi Manusia pada Suhu 34 $^{\circ}\text{C}$

2. Dengan suhu 27°C



Gambar 2b. Simulasi Model SEIRD-SEI Populasi Manusia pada Suhu 27°C

3. Dengan suhu 40°C



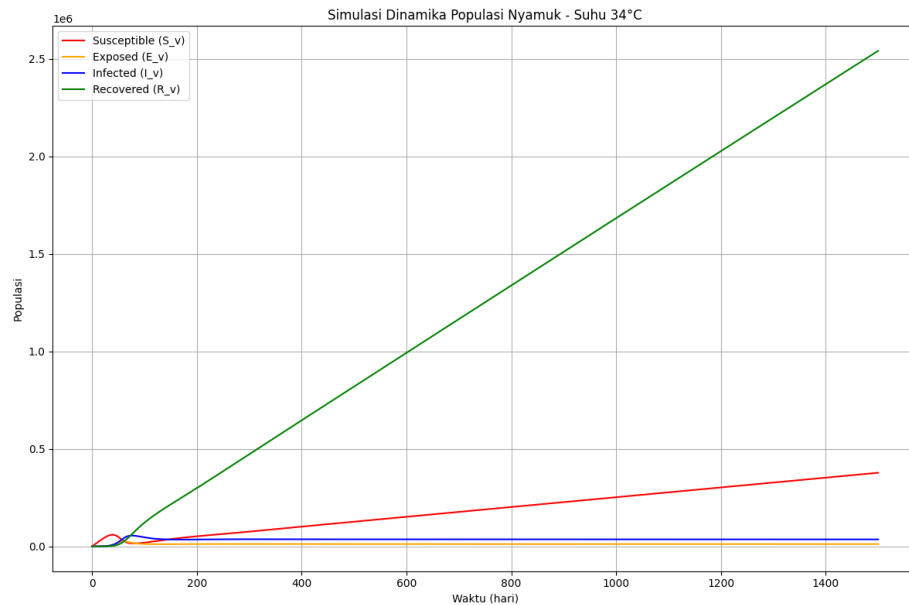
Gambar 2c. Simulasi Model SEIRD-SEI Populasi Manusia pada Suhu 40°C

Pada Grafik simulasi populasi manusia menunjukkan bagaimana suhu memengaruhi empat kategori: *susceptible* (S_h), terpapar (E_h), terinfeksi (I_h), dan pulih (R_h). Pada suhu 34°C, menunjukkan populasi S_h meningkat di awal hingga mencapai berkisar 32.000 pada hari ke-100, sementara puncak I_h tercapai sebesar berkisar 10.000 pada hari ke-150 sebelum stabil di angka berkisar 8.000, serta mengakhiri simulasi pada hari ke-1500 dengan akumulasi R_h mencapai berkisar 860.000, dan D_h berkisar 575.000. Beralih ke suhu rendah 27°C, laju penularan berjalan lebih lambat di mana populasi S_h memerlukan waktu hingga hari ke-120 untuk mencapai plateau yang sedikit lebih tinggi di angka berkisar 42.000, sedangkan puncak I_h mengalami penundaan hingga hari ke-190

dengan nilai lebih rendah sebesar berkisar 8.500 sebelum stabil di angka berkisar 7.500, dengan nilai akhir R_h berkisar 860.000 dan D_h berkisar 575.000 pada hari ke-1500. Sementara itu pada suhu 40°C, grafik menunjukkan profil transmisi yang hampir serupa dengan suhu 27°C karena tingginya tingkat kematian nyamuk menekan potensi penularan, di mana populasi S_h mencapai 42.000 pada hari ke-120 dan puncak I_h tertahan di angka berkisar 8.500 pada hari ke-190, sebelum akhirnya melandai ke nilai akumulasi akhir yang setara pada hari ke-1500 yaitu R_h berkisar 860.000 dan D_h berkisar 575.000.

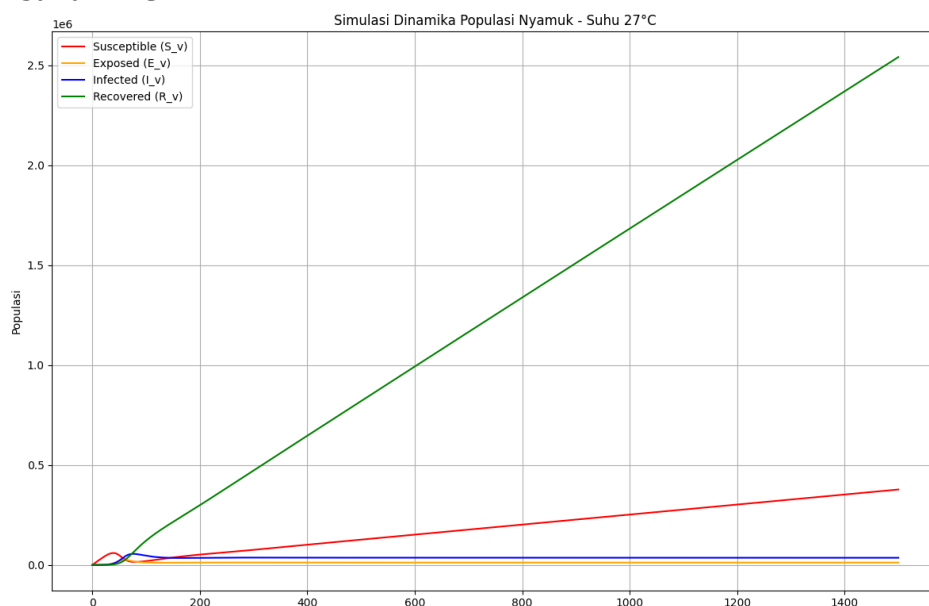
Hasil simulasi perubahan populasi nyamuk:

1. Dengan suhu 34°C



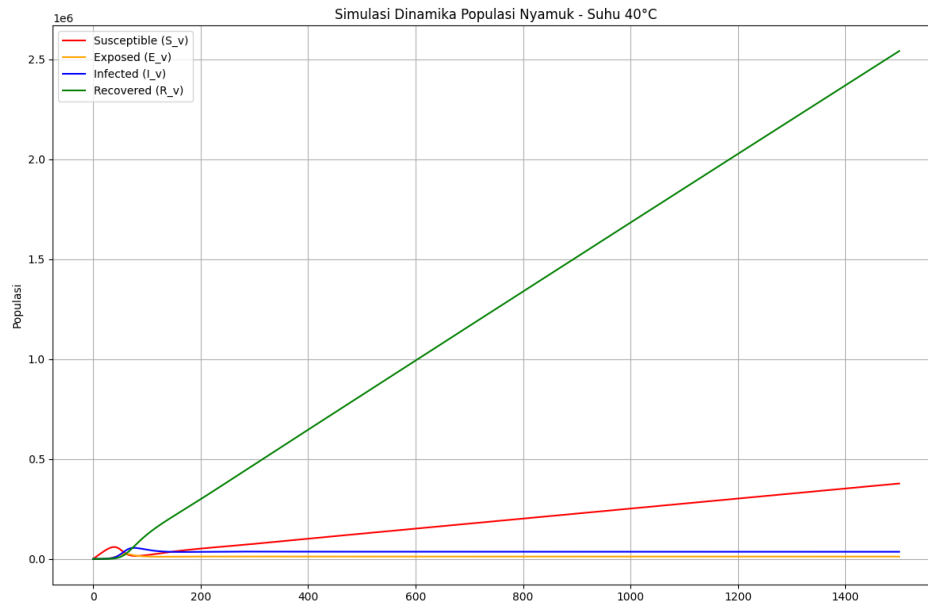
Gambar 3a. Simulasi Model SEIRD-SEI Populasi Nyamuk pada Suhu 34°C

2. Dengan suhu 27°C



Gambar 3b. Simulasi Model SEIRD-SEI Populasi Nyamuk pada Suhu 27°C

3. Dengan suhu 34°C



Gambar 3c. Simulasi Model SEIRD-SEI Populasi Nyamuk pada Suhu 27°C

Pada grafik simulasi populasi nyamuk menunjukkan dampak suhu terhadap empat kategori populasi: *susceptible* (S_v), terpapar (E_v), terinfeksi (I_v), dan pulih (R_v). Pada suhu optimal 34°C menunjukkan populasi S_v mencapai puncak sebesar berkisar 65.000 pada hari ke-40 sebelum meluruh tajam, yang kemudian memicu puncak I_v sebesar berkisar 60.000 pada hari ke-85, serta mengakhiri simulasi pada hari ke-1500 dengan nilai S_v berkisar $3,8 \times 10^5$, I_v berkisar 4×10^4 , dan R_v sebesar berkisar $2,55 \times 10^6$. Beralih ke suhu rendah 27°C, terjadi penekanan laju transmisi di mana puncak S_v tercapai sebesar berkisar 62.000 pada hari ke-42 dan puncak I_v turun menjadi berkisar 55.000 dengan penundaan waktu puncak hingga hari ke-90, meski nilai akhirnya pada hari ke-1500 tetap sama. Sementara itu pada suhu ekstrem 40°C, tingginya angka kematian nyamuk menyebabkan puncak S_v tercapai sebesar berkisar 63.000 pada hari ke-40 dan puncak I_v terbatas di angka berkisar 57.000 pada hari ke-82, sebelum akhirnya melandai ke nilai akhir yang relatif serupa pada hari ke-1500.

PENUTUP

Berdasarkan fenomena yang telah diuraikan, selanjutnya dikonstruksi model matematika yang menggambarkan dinamika perubahan jumlah populasi manusia dan nyamuk pada setiap kompartemen *host-vector* terhadap waktu. Model yang diperoleh dinyatakan dalam bentuk sistem persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS_h}{dt} &= A_h - \frac{bP_h I_v S_h}{N_h} - \mu_h S_h \\ \frac{dE_h}{dt} &= \frac{bP_h I_v S_h}{N_h} - \varepsilon_h E_h - \mu_h E_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \varepsilon_h E_h(t) - (\gamma + \mu_h) I_h - (1 - \gamma) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= (1 - \gamma) I_h - \mu_h R_h \\ \frac{dD_h}{dt} &= \gamma_h I_h\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dS_v}{dt} &= A_v - \frac{bP_v I_h S_v}{N_h} - \mu_v S_v \\ \frac{dE_v}{dt} &= \frac{bP_v I_h S_v}{N_h} - (\varepsilon_v + E_v)E_v \\ \frac{dI_h}{dt} &= \varepsilon_v E_v - \mu_v I_v\end{aligned}$$

Berdasarkan hasil simulasi numerik pada model SEIRD-SEI, perubahan suhu pada rentang 27°C hingga 30°C menunjukkan adanya peningkatan laju penularan antara populasi manusia dan nyamuk. Suhu optimal ini mempercepat siklus hidup nyamuk sehingga populasi nyamuk terinfeksi juga meningkat. Sebaliknya, pada suhu yang lebih tinggi, seperti 34°C, terjadi peningkatan mortalitas nyamuk sehingga jumlah populasi manusia yang berada pada kompartemen *Susceptible* meningkat. Kondisi tersebut diikuti oleh penurunan populasi manusia pada kompartemen *Exposed*, *Infected*, dan *Recovered*. Pada populasi nyamuk, suhu 34°C menyebabkan jumlah manusia yang terinfeksi relatif lebih rendah sehingga proses penularan virus dari manusia ke nyamuk turut mengalami penurunan. Akibatnya, populasi nyamuk pada kompartemen *Exposed* dan *Infected* berkurang, sedangkan jumlah nyamuk pada kompartemen *Susceptible* menjadi lebih besar karena tingkat transmisi dari manusia ke nyamuk semakin rendah.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Megawaty, D. A., dan Simanjuntak, R. Y. (2017). Pemetaan Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue Menggunakan Sistem Informasi Geografis pada Dinas Kesehatan Kota Metro. *Jurnal Sistem Informasi dan Telematika (Telecommunication and Information System Journal)*, 8(2), 147–151.
- [2] Ottay, R. I., Syahria, D. F., dan Kunaung, W. P. J. (2015). Pemetaan Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue dengan Geographic Information System di Minahasa Selatan. *Jurnal Kedokteran Komunitas dan Tropik*, 3(2), 90–98.
- [3] Sabran, L. O., dan Jannah, M. (2020). Model Matematika SEIRS-SEI pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue dengan Pengaruh Suhu. *MAP Journal (Matematics and Applications)*, 2(2), 66–78.
- [4] Tansil, M. G., dan tim. (2021). Faktor Risiko Terjadinya Kejadian Demam Berdarah Dengue pada Anak. *Jurnal Biomedik (JBM)*, 13(1), 90–99.
- [5] World Health Organization. (2018). *Dengue Control: Epidemiology*.
- [6] Yohan, B. (2018). *Demam Berdarah Dengue: Problematika Interaksi Virus, Pejamu, Vektor*. Jakarta: Eijkman Institute for Molecular Biology.