

ANALISIS KESTABILAN MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE DENGAN PENGARUH *TREATMENT* DAN *FOGGING*

Kharisma Galuh Puspita

Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : kharisma.19015@mhs.unesa.ac.id

Abadi

Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : abadi@unesa.ac.id

Abstrak

Demam berdarah dengue merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus *dengue* dan ditularkan oleh gigitan nyamuk yang telah menyebar dengan cepat ke seluruh wilayah dunia dalam beberapa tahun terakhir. Salah satu upaya pemberantasan nyamuk penyebab DBD yakni dengan cara *fogging* atau pengasapan. Selain itu juga diperlukan suatu *treatment* untuk penderita DBD dikarenakan belum ada obat khusus atau vaksin yang dapat diandalkan dan pengobatannya hanya dapat dilakukan secara simptomatis. Pada penelitian ini akan di konstruksi model matematika penyebaran DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* dengan membagi menjadi dua populasi yakni manusia dan nyamuk pada populasi manusia terdiri dari empat kelompok yakni manusia rentan (S_h)/*Susceptible*, manusia terinfeksi (I_h)/*Infected*, manusia diobati (T_h)/*Treated*, manusia sembuh (R_h)/*Recovered*. Populasi nyamuk terdiri dari dua kelompok yakni nyamuk rentan (S_v)/*Susceptible* dan nyamuk terinfeksi (I_v)/ *Infected*. Model pada penelitian ini ditentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik. Selanjutnya mencari bilangan reproduksi dasar atau R_0 dan menganalisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit didapatkan jika $R_0 < 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik dan jika semua nilai eigen bernilai negatif maka titik kesetimbangan endemik stabil asimtotik dan langkah terakhir yakni simulasi numerik dengan *software* Matlab 2017b dengan parameter sesuai rujukan atau penelitian yang relevan.

Kata Kunci: DBD, Model Epidem, *Treatment*, *Fogging*, Titik kesetimbangan, Analisis Kestabilan, Bilangan Reproduksi Dasar.

Abstract

*Dengue hemorrhagic fever is an infectious disease caused by the dengue virus and transmitted by mosquito bites that has spread rapidly to all regions of the world in recent years. One of the efforts to eradicate mosquitoes that cause dengue fever is by fogging or fumigation. In addition, a treatment is also needed for dengue sufferers because there is no special drug or reliable vaccine and treatment can only be done symptomatically. In this study, a mathematical model of dengue spread will be constructed with the influence of treatment and fogging by dividing into two populations, namely humans and mosquitoes in the human population consisting of four groups, namely susceptible humans (S_h) / *Susceptible*, infected humans (I_h) / *Infected*, treated humans (T_h) / *Treated*, cured humans (R_h) / *Recovered*. The mosquito population consists of two groups, namely susceptible mosquitoes (S_v) / *Susceptible* and infected mosquitoes (I_v) / *Infected*. The model in this study determined disease-free and endemic equilibrium points. Next, find the basic reproduction number or R_0 and analyze the stability of the disease-free equilibrium point obtained if $R_0 < 1$ then the disease-free equilibrium point is asymptotic stable if all eigenvalues are negative, then the endemic equilibrium point is asymptotic stable and the last step is numerical simulation with Matlab 2017b software with parameters according to relevant references or research.*

Keywords: DHF, Epidemic Model, *Treatment*, *Fogging*, Equilibrium point, Stability Analysis, Basic Reproduction Number

PENDAHULUAN

Demam berdarah dengue merupakan penyakit menular yang ditularkan oleh gigitan nyamuk *Aedes Aegypti* dan telah menyebar dengan cepat dalam beberapa tahun terakhir. DBD biasanya menyebar di daerah yang beriklim tropis. Virus dengue penyebab DBD ini hanya dapat ditularkan oleh nyamuk dan tidak menular melalui kontak langsung dengan manusia. Terdapat tiga faktor yang mempengaruhi penyebaran virus dengue yakni manusia, virus dan vektor. Virus dengue akan masuk ke dalam tubuh manusia pada saat nyamuk menggigit manusia yang sedang mengalami viremia.

DBD telah menyebar di Indonesia yang wilayah persebarannya semakin luas dengan jumlah kasus dan kematian yang terus meningkat. Kasus DBD di Indonesia pada lima tahun terakhir yakni pada tahun 2018 ada sebanyak 65.602 kasus dengan 467 kematian, pada tahun 2019 ada sebanyak 138.127 kasus dengan 919 kematian, pada tahun 2020 ada sebanyak 103.509 kasus dengan 725 kematian, pada tahun 2021 ada sebanyak 73.518 kasus dengan 705 kematian (Kementerian Kesehatan RI, 2021). Sedangkan pada tahun 2022 ada sebanyak 131.265 kasus dengan 1.135 kematian (Kementerian Kesehatan RI, 2023).

DBD merupakan masalah yang harus segera diselesaikan karena kasusnya yang semakin tinggi. Karena sampai saat ini belum ada obat-obatan khusus atau vaksin yang dapat diandalkan. Salah satu upaya pemberantasan dapat dilakukan dengan cara *fogging* atau pengasapan. Selain itu juga diperlukan suatu *treatment* untuk penderita DBD. Tidak ada pengobatan untuk menghentikan atau memperlambat virus karena karena DBD merupakan penyakit virus (Dania, 2016). Jenis pengobatan ada dua yakni perawatan di rumah sakit, dokter praktek, klinik, puskesmas dan pengobatan sendiri dengan obat tradisional (Nurindra et al., 2015).

Perkembangan ilmu pengetahuan dibidang matematika memegang peran penting terutama memecahkan masalah dibidang kesehatan. Model matematika yang digunakan untuk mengetahui penyebaran penyakit menular, khususnya yang menyangkut terjadi atau tidaknya keadaan epidemi serta pengaruh yang ditimbulkan disebut model epidemi (Putra et al., 2015).

Beberapa penelitian model epidemi telah banyak dilakukan diantaranya penelitian Massawe et al.,(2015) yang membahas model Sitr-Asi penyakit DBD dengan pengaruh *treatment*. Bustamam et al., (2018) yang membahas model matematika penularan penyakit DBD dengan berbagai intervensi salah satunya adalah dengan *fogging* atau pengasapan. Sabran & Jannah (2020) membahas model SEIRS-SEI penyebaran DBD dengan pengaruh suhu. Gurung & Phajoo (2018) membahas analisis sensitivitas model SEIR-SEI penyakit DBD.

Penelitian ini merupakan hasil dari modifikasi model penelitian Massawe et al.,(2015) penelitian tersebut hanya menggunakan pengaruh *treatment* saja kemudian ditambahkan pengaruh *fogging* yang merupakan hasil dari penelitian Bustamam et al.,(2018) karena pada penelitian tersebut *fogging* merupakan salah satu strategi terbaik dalam pengendalian untuk mengendalikan demam berdarah dengue. Penelitian ini disajikan dengan model matematika ke dalam dua populasi yakni populasi manusia dan nyamuk. pada populasi manusia terdiri dari empat kelompok yakni manusia rentan (S_h)/*Susceptible*, manusia terinfeksi (I_h)/*Infected*, manusia diobati (T_h)/*Treated*, manusia sembuh (R_h)/*Recovered* dan populasi nyamuk terdiri dari dua kelompok yakni nyamuk rentan (S_v)/*Susceptible* dan nyamuk terinfeksi (I_v)/*Infected*.

KAJIAN TEORI

Titik Keseimbangan

Titik keseimbangan merupakan titik yang berubah terhadap waktu. Titik keseimbangan dibagi menjadi dua yakni titik keseimbangan bebas penyakit dan endemik.

Diberikan sistem persamaan diferensial non linear sebagai berikut:

$$\dot{x} = f(x), \quad x \in \mathbb{R}^n. \quad 2.1$$

Solusi keseimbangan dari 2.1 adalah $\tilde{x} \in \mathbb{R}^n$ sedemikian hingga

$$f(\tilde{x}) = 0 \quad (\text{Wiggins, 2003})$$

Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan

Penyelesaian sistem persamaan diferensial dapat diketahui dengan cara menganalisis kestabilan titik keseimbangan. Kestabilan titik keseimbangan

dikenal dengan konsep perilaku pada titik kesetimbangan

Diberikan persamaan diferensial orde pertama $\dot{x} = f(x)$, solusinya di mana dengan kondisi awal $x(0) = x_0$. Akan ditunjukkan oleh $x(t - x_0)$. Sebuah vektor \tilde{x} yang memenuhi $f(\tilde{x}) = 0$ disebut titik kesetimbangan.

1. Titik kesetimbangan \tilde{x} disebut stabil untuk setiap $\varepsilon > 0$ terdapat $\delta > 0$ sedemikian hingga, jika $\|t_0 - \tilde{x}\| < \delta$ maka $\|x(t - x_0)\| < \varepsilon$ untuk setiap $t \geq t_0$.
2. Titik kesetimbangan \tilde{x} disebut stabil asimtotik jika stabil dan terdapat $\delta_1 > 0$ sedemikian hingga $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = \tilde{x}$ asalkan $\|t_0 - \tilde{x}\| < \delta_1$.
3. Tidak stabil apabila poin (1) tidak terpenuhi.

Dibutuhkan suatu metode untuk menentukan sistem kestabilan di dekat titik kesetimbangan yakni dengan linearisasi, sebelum penyelesaian linearisasi maka perlu ditentukan dulu matriks Jacobian.

Diberikan sistem n persamaan diferensial biasa non linear

$$\dot{x} = f(x), \quad x \in \mathbb{R}^n \quad (2.2)$$

Dengan menggunakan ekspansi deret Taylor di sekitar titik kesetimbangan x , maka persamaan tersebut menjadi

$$\dot{x} = Ax + \varphi(x) \quad (2.3)$$

Dengan A adalah matriks Jacobi

$$A = Df(x) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{pmatrix} \quad (2.4)$$

Di mana $\varphi(x)$ merupakan suku dengan orde tinggi yang bersifat $\lim_{x \rightarrow 0} \varphi(x) = 0$. Persamaan 2.3 disebut linearisasi dari sistem non linear pada persamaan 2.3 dalam bentuk

$$\dot{x} = Ax, \quad x \in \mathbb{R}^n \quad (2.5)$$

Selanjutnya diberikan teorema yang menyajikan sifat kestabilan suatu sistem $\dot{x} = Ax$ dengan nilai eigen $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \dots, \lambda_k (k \leq n)$.

Teorema 2.1

Diketahui persamaan diferensial $\dot{x} = Ax$ dengan A adalah matriks $n \times n$ dengan nilai eigen yang berbeda $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \dots, \lambda_k (k \leq n)$.

1. Titik kesetimbangan $\tilde{x} = 0$ dikatakan stabil asimtotik jika dan hanya jika $(Re(\lambda_i) < 0)$, untuk $i = 1, 2, \dots, k$.
2. Titik kesetimbangan $\tilde{x} = 0$ dikatakan stabil jika dan hanya jika $(Re(\lambda_i) \leq 0)$ untuk $i =$

$1, 2, \dots, k$). Jika setiap nilai eigen bebas linier sebagai multiplitas λ_i .

3. Titik kesetimbangan $\tilde{x} = 0$ dikatakan tidak stabil jika $(Re(\lambda_i) > 0)$, untuk $i = 1, 2, \dots, k$.

Selain itu juga terdapat metode untuk menyelidiki kestabilan sistem apabila nilai eigen dari persamaan karakteristik sulit ditentukan yakni dengan menggunakan Kriteria Routh-Hurwitz.

$$\det(\lambda I - A) = a_n \lambda^n + a_{n-1} \lambda^{n-1} + a_1 \lambda + a_0 \quad (2.6)$$

Di mana $a_n = 1$

Sehingga diperoleh Routh-Hurwitz sebagai

berikut:

λ^n	a_n	a_{n-2}	a_{n-4}	...
λ^{n-1}	a_{n-1}	a_{n-3}	a_{n-5}	...
λ^{n-2}	b_1	b_2	b_3	...
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	...

Di mana koefisien $\{b_i\}\{c_i\}$

$$b_1 = \frac{a_{n-1}a_{n-2} - a_n a_{n-3}}{a_{n-1}}, \dots$$

$$b_2 = \frac{a_{n-1}a_{n-4} - a_n a_{n-5}}{a_{n-1}}, \dots$$

$$c_1 = \frac{b_1 a_{n-5} - a_{n-1} b_3}{b_1}, \dots$$

$$c_2 = \frac{b_1 a_{n-5} - a_{n-1} b_3}{b_1}, \dots$$

Skema tersebut dilanjutkan hingga hanya nol yang muncul(keduanya di kanan ke bawah). Diasumsikan bahwa $n - 1$ elemen pertama dari kolom pertama dari tabel Routh-Hurwitz yang menyatakan bahwa matriks A memiliki nilai eigen real negatif jika dan hanya jika semua nilai eigen pada kolom pertama memiliki tanda yang sama. Jika sistem memiliki nilai eigen negatif pada bagian realnya maka sistem dikatakan stabil.

(Olsder & Woude, 1998)

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar dilambangkan dengan R_0 mewakili jumlah rata-rata infeksi sekunder yang terinfeksi oleh individu yang terinfeksi selama seluruh perjalanan penyakitnya dalam kasus semua anggota populasi rentan.

1. Jika $R_0 < 1$ maka penyebaran akan berkurang dan penyakit akan punah.
2. Jika $R_0 > 1$ maka penyebaran akan meningkat sehingga penyakit tidak dapat dihilangkan dan berkembang menjadi endemik.

(Ma et al., 2009)

Nilai bilangan reproduksi dasar dapat dihitung menggunakan Next Generation Matrix (NGM).

Misalkan y merupakan kompartemen terinfeksi penyakit dan z tidak terinfeksi penyakit, dan $x \in \mathbb{R}^n$ dan $y \in \mathbb{R}^m$. Selanjutnya f_i merupakan tingkat di mana infeksi yang mempengaruhi penambahan kompartemen penyakit ke- i dan V_i adalah tingkat di mana perkembangan penyakit, kematian dan pemulihan kompartemen ke- i ,

$$\begin{aligned} \dot{x} &= f_i(y, z) - V_i(y, z) \text{ dengan } i = 1, 2, \dots, n \\ \dot{y} &= g_j(y, z) \text{ dengan } j = 1, 2, \dots, m \end{aligned}$$

Perhitungan bilangan reproduksi dasar didasarkan pada linearisasi di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit. Persamaan yang telah dilinearisasi dapat ditulis sebagai berikut.

$$\dot{x} = (F - V)x \quad (2.7)$$

di mana F dan V adalah matriks $n \times n$ dengan entri,

$$F = \frac{\partial f_i}{\partial y_i}(0, y_0) \text{ dan } V = \frac{\partial V_i}{\partial x_i}(0, y_0)$$

Selanjutnya diberikan matriks K sebagai berikut.

$$K = FV^{-1} \quad (2.8)$$

Di mana K merupakan matriks generasi selanjutnya untuk sistem pada kesetimbangan bebas penyakit. Masuknya K merupakan nilai dari infeksi sekunder pada populasi rentan. Maka,

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) \quad (2.9)$$

METODE

Metode penelitian yang digunakan adalah dengan studi pustaka. Sumber yang digunakan dalam penelitian ini yakni buku, artikel, jurnal, dan karya tulis lain seperti skripsi, tesis serta sumber-sumber lain yang relevan terkait penyakit DBD.

Penelitian ini diawali dengan studi literatur yakni melakukan pencarian dari berbagai sumber yang digunakan untuk menentukan suatu asumsi, variabel, parameter serta batasan yang digunakan dalam penelitian. Selanjutnya yakni mengontruksi model dari Massawe et al., (2015) dan Bustamam et al., (2018). Kemudian menentukan titik kesetimbangan sistem yakni titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik serta mencari bilangan reproduksi dasar (R_0) dengan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM). Selanjutnya dilakukan analisis kestabilan titik kesetimbangan dari model dengan menggunakan nilai eigen atau Kriteria *Routh Hurwitz*. Dan yang terakhir dilakukan simulasi numerik dengan menggunakan *software* Matlab.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Matematika Penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan Pengaruh *Treatment* dan *Fogging*

Model matematika yang digunakan dalam penelitian ini adalah model SITR-SI. Dalam model ini terdapat dua populasi yakni manusia dan nyamuk pada populasi manusia terdiri dari empat kelompok yakni manusia rentan (*Susceptible*), manusia terinfeksi (*Infected*), manusia diobati (*Treated*) dan manusia sembuh (*Recovered*). Sedangkan populasi nyamuk terdiri dari dua kelompok yakni nyamuk rentan (*Susceptible*) dan nyamuk terinfeksi (*Infected*). Model pada penelitian ini dibuat dengan memperhatikan asumsi.

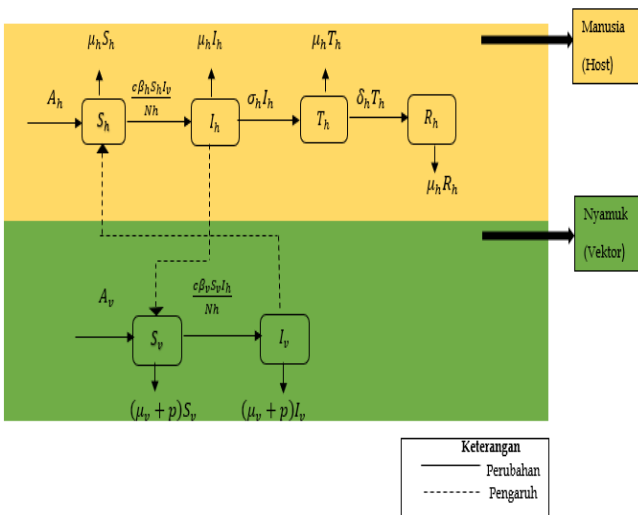
1. Populasi manusia terdiri dari empat kelompok yakni manusia *Susceptible* (S_h), manusia *Infected* (I_h), manusia *Treated* (T_h), kelompok manusia *Recovered* (R_h) dan populasi nyamuk dibagi dua kelompok yakni nyamuk *Susceptible* (S_v) dan nyamuk *Infected* (I_v).
2. Setiap populasi manusia konstan, artinya setiap laju kelahiran sama dengan laju kematian. Maka,

$$\frac{dN_h}{dt} = \frac{dS_h}{dt} + \frac{dI_h}{dt} + \frac{dT_h}{dt} + \frac{dR_h}{dt} = 0$$
3. Hanya terdapat populasi manusia dan nyamuk dalam satu wilayah.
4. Diasumsikan bahwa tidak ada imigrasi dan emigrasi dalam suatu wilayah.
5. Setiap kelahiran diasumsikan rentan, artinya setiap kelahiran individu baru akan menjadi individu rentan yang dapat terinfeksi penyakit.
6. Kematian nyamuk disebabkan karena kematian alami dan *fogging*.
7. Tidak ada kematian alami akibat DBD.
8. Tidak ada efek resisten pada nyamuk terhadap penggunaan *fogging*.
9. Manusia yang rentan dapat tertular oleh nyamuk yang terinfeksi.
10. Nyamuk yang rentan dapat tertular karena menggigit manusia yang terinfeksi.
11. Nyamuk yang dapat menularkan hanya nyamuk betina yang telah terinfeksi virus dengue.
12. Tidak ada penularan antara nyamuk yang terinfeksi ke nyamuk rentan meskipun dalam

hal perkawinan, karena nyamuk jantan mati setelah melakukan perkawinan.

13. Nyamuk tidak akan pernah sembuh atau kembali ke rentan .
14. Manusia yang terinfeksi harus mendapatkan *treatment* untuk sembuh.
15. *Treatment* yang digunakan adalah perawatan di rumah sakit.
16. Manusia yang terinfeksi tidak bisa sembuh dengan sendirinya
17. Hanya terdapat satu serotipe virus, sehingga manusia yang sembuh diasumsikan tidak dapat terinfeksi kembali.

Model matematika penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* dapat dijelaskan melalui diagram kompartemen sebagai berikut.



Gambar 4.1 Diagram Kompartemen penyebaran DBD model SITR-SI

Berdasarkan diagram kompartemen di atas dapat diperoleh formula penyebaran DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* yang disajikan dalam sistem persamaan diferensial orde 1 antara lain sebagai berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_h}{dt} &= A_h - \frac{c\beta_h S_h I_v}{N_h} - \mu_h S_h \\
 \frac{dI_h}{dt} &= \frac{c\beta_h S_h I_v}{N_h} - (\mu_h + \sigma_h) I_h \\
 \frac{dT_h}{dt} &= \sigma_h I_h - (\mu_h + \delta_h) T_h \\
 \frac{dR_h}{dt} &= \delta_h T_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dS_v}{dt} &= A_v - \frac{c\beta_v S_v I_h}{N_h} - (\mu_v + p) S_v \\
 \frac{dI_v}{dt} &= \frac{c\beta_v S_v I_h}{N_h} - (\mu_v + p) I_v
 \end{aligned}
 \tag{4.1}$$

Adapun parameter yang digunakan adalah sebagai berikut.

Tabel 4.1 Parameter pada model penyebaran DBD model SITR-SI

Parameter	Keterangan
A_h	Tingkat kelahiran manusia perkapita
A_v	Jumlah rekrutmen nyamuk
c	Tingkat gigitan nyamuk
μ_h	Laju kelahiran manusia
μ_v	Laju kematian alami nyamuk
p	Tingkat <i>fogging</i> atau pengasapan
β_h	Peluang penyebaran virus dari nyamuk terinfeksi ke manusia rentan
β_v	Peluang penyebaran virus dari manusia terinfeksi ke nyamuk rentan
σ_h	Rata-rata periode viremia
δ_h	Tingkat kesembuhan manusia yang terinfeksi setelah mendapatkan <i>treatment</i>
N_h	Jumlah populasi manusia

Titik Kesetimbangan

Pada penelitian ini disajikan dalam dua bentuk titik kesetimbangan yakni titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik

1. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Titik kesetimbangan bebas penyakit merupakan suatu keadaan di mana tidak ada penularan pada penyakit tersebut, maka tidak ada individu yang terinfeksi sehingga $I_h = 0$ dan $I_v = 0$. Titik kesetimbangan bebas penyakit didapatkan dengan mengenklik ruas kanan, sehingga diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0(S_h^0, I_h^0, T_h^0, R_h^0, S_v^0, I_v^0) = \left(\frac{A_h}{\mu_h}, 0, 0, 0, \frac{A_v}{\mu_v + p}\right)$

2. Titik Kesetimbangan Endemik

Titik kesetimbangan endemik merupakan suatu keadaan di mana penyakit menular menyebar pada suatu populasi. Titik kesetimbangan endemik diperoleh pada saat $I_h \neq 0$ dan $I_v \neq 0$. Pada persamaan 4.1 didapatkan $E^*(S_h^*, I_h^*, T_h^*, R_h^*, S_v^*, I_v^*)$ sebagai berikut.

$$\begin{aligned}
 S_h^* &= \frac{x(\mu_v + p)N_h}{c\beta_v(c\beta_h A_v + \mu_h \mu_v N_h + \mu_h p N_h)} \\
 I_h^* &= \frac{y}{c\beta_v(z)} \\
 T_h^* &= \frac{\sigma_h(y)}{c\beta_v(\mu_h + \delta_h)z} \\
 R_h^* &= \frac{\delta_h \sigma_h(y)}{c\beta_v \mu_h (\mu_h + \delta_h)z}
 \end{aligned}
 \tag{4.2}$$

$$S_v^* = \frac{zN_h}{c\beta_h x}$$

$$I_v^* = \frac{y}{c\beta_h x(\mu_v + p)}$$

Dengan keterangan,

$$x = \mu_h \mu_v N_h + \mu_h p N_h + \mu_v \sigma_h N_h + p \sigma_h N_h + c\beta_v A_h$$

$$y = -\mu_h^2 \mu_v^2 N_h^2 - \mu_h \mu_v^2 N_h^2 \sigma_h - 2\mu_h^2 \mu_v N_h^2 p - 2\mu_h \mu_v N_h^2 p \sigma_h - \mu_h^2 N_h^2 p^2 - \mu_h N_h^2 p^2 \sigma_h + c^2 \beta_h \beta_v A_h A_v$$

$$z = \mu_h^2 \mu_v N_h + \mu_h^2 p N_h + \mu_h \mu_v \sigma_h N_h + \mu_h p \sigma_h N_h + c\beta_h A_v \mu_h + c\beta_h A_v \sigma_h$$

3. Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar dilambangkan dengan R_0 , didefinisikan sebagai jumlah rata-rata infeksi sekunder yang terjadi ketika satu individu infeksi dimasukkan ke dalam populasi yang benar-benar rentan.

Bilangan reproduksi dasar dihitung dengan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM)

$$\left[\frac{\partial f_i}{\partial X_j} \right] \left[\frac{\partial V_i}{\partial X_j} \right]^{-1}$$

Di mana f_i adalah tingkat munculnya infeksi baru di kompartemen i , V_i merupakan transfer individu keluar dari kompartemen i dan E^0 adalah titik kesetimbangan bebas penyakit

$$F_i = \begin{bmatrix} F_1 \\ F_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{c\beta_h S_h I_v}{N_h} \\ \frac{c\beta_v S_v I_h}{N_h} \end{bmatrix}$$

Dengan menggunakan metode linearisasi, matriks terkait di DFE didapatkan

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial I_h} & \frac{\partial F_1}{\partial I_v} \\ \frac{\partial F_2}{\partial I_h} & \frac{\partial F_2}{\partial I_v} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{c\beta_h A_h}{\mu_h N_h} \\ \frac{c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)} & 0 \end{bmatrix}$$

Transfer individu keluar dari kompartemen i , di berikan

$$V_i = \begin{bmatrix} V_1 \\ V_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_h I_h + \sigma_h I_h \\ \mu_v I_v + p I_v \end{bmatrix}$$

Dengan metode linierisasi, matriks yang terkait DFE diberikan oleh,

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial V_1}{\partial I_h} & \frac{\partial V_1}{\partial I_v} \\ \frac{\partial V_2}{\partial I_h} & \frac{\partial V_2}{\partial I_v} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_h + \sigma_h & 0 \\ 0 & \mu_v + p \end{bmatrix}$$

Oleh karena itu,

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\mu_h + \sigma_h} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_v + p} \end{bmatrix}$$

dengan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM)

$$F \cdot V^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{c\beta_h A_h}{\mu_h N_h} \\ \frac{c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)} & 0 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \frac{1}{\mu_h + \sigma_h} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_v + p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{c\beta_h A_h}{\mu_h N_h(\mu_v + p)} \\ \frac{c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)\mu_h + \sigma_h} & 0 \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

Mencari nilai eigen dari persamaan 4.3 didapatkan,

$$\det(F \cdot V^{-1} - I\lambda) = \det \begin{bmatrix} 0 & \frac{c\beta_h A_h}{\mu_h N_h(\mu_v + p)} \\ \frac{c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)\mu_h + \sigma_h} & 0 \end{bmatrix} = \frac{\lambda^2 - c^2 \beta_h \beta_v A_h A_v}{\mu_h(\mu_h + \sigma_h)(\mu_v + p)^2 N_h^2}$$

$$\lambda = \pm \frac{c\sqrt{\beta_h \beta_v A_h A_v} \mu_h (\mu_h + \sigma_h)}{\mu_h N_h (\mu_h + \sigma_h) (\mu_v + p)}$$

Dengan mengambil nilai eigen terbesar atau dominan maka didapatkan,

$$R_0 = \frac{c\sqrt{\beta_h \beta_v A_h A_v} \mu_h (\mu_h + \sigma_h)}{\mu_h N_h (\mu_h + \sigma_h) (\mu_v + p)} \quad (4.4)$$

Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan

1. Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Analisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dapat dilakukan dengan melakukan pelinearan disekitar titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0(S_h^0, I_h^0, T_h^0, R_h^0, S_v^0, I_v^0)$. Maka, diperoleh persamaan karakteristiknya sebagai berikut.

$$\det[J - \lambda I] = 0$$

$$\det \begin{bmatrix} -\mu_h - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{-c\beta_h A_h}{\mu_h N_h} \\ 0 & -(\mu_h + \sigma_h) - \lambda & 0 & 0 & 0 & \frac{c\beta_h A_h}{\mu_h N_h} \\ 0 & \sigma_h & -(\mu_h + \delta_h) - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_h & -\mu_h - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & \frac{-c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)} & 0 & 0 & -(\mu_v + p) - \lambda & 0 \\ 0 & \frac{c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)} & 0 & 0 & 0 & -(\mu_v + p) - \lambda \end{bmatrix}$$

Kemudian diperoleh bentuk dari $\det[J - \lambda I] = 0$ adalah sebagai berikut.

$$(-\mu_h - \lambda)(-\mu_h - \lambda)(-\mu_h + \delta_h - \lambda)(-\mu_v + p) - \lambda) - (\mu_h + \sigma_h) - \lambda)(-\mu_v + p)\lambda) \left(\frac{c\beta_v A_v}{N_h(\mu_v + p)}\right) \left(\frac{c\beta_h A_h}{\mu_h N_h}\right) \quad (4.5)$$

Berdasarkan persamaan karakteristik 4.5 diperoleh nilai eigen sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\mu_h \\ \lambda_2 &= -\mu_h \\ \lambda_3 &= -\mu_h - \delta_h \\ \lambda_4 &= -\mu_v - p \\ \lambda_{5,6} &= -(\mu_h + \sigma_h + \mu_v + p) \\ &\pm \sqrt{\frac{(\mu_h + \sigma_h + \mu_v + p)^2 - 4(\mu_h + \sigma_h)(\mu_v + p)((R_0 - 1)(R_0 - 1) + 2(R_0 - 1) + 2)}{2}} \end{aligned}$$

Dari bentuk di atas didapatkan semua nilai eigen negatif kecuali $\lambda_{5,6}$ untuk mendapatkan $\lambda_{5,6}$ negatif maka $(R_0 - 1) < 0$ harus negatif atau $R_0 < 1$. Sehingga dapat disimpulkan bahwa kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik jika $(R_0 - 1) < 0$ atau $R_0 < 1$.

2. Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Endemik

Analisis kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dapat dilakukan dengan melakukan pelinearannya disekitar titik kesetimbangan bebas penyakit $E^*(S_h^*, I_h^*, T_h^*, R_h^*, S_v^*, I_v^*)$. Maka, diperoleh persamaan karakteristiknya sebagai berikut.

$$\det \begin{vmatrix} \frac{-c\beta_h I_v^*}{N_h} - \mu_h - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{-c\beta_h S_h^*}{N_h} \\ \frac{c\beta_h I_v^*}{N_h} & -(\mu_h + \sigma_h) - \lambda & 0 & 0 & 0 & \frac{c\beta_h S_h^*}{N_h} \\ 0 & \sigma_h & -(\mu_h + \delta_h) - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_h & -\mu_h - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & \frac{-c\beta_v S_v^*}{N_h} & 0 & 0 & \frac{-c\beta_h I_h^*}{N_h} - (\mu_v + p) - \lambda & 0 \\ 0 & \frac{c\beta_h S_h^*}{N_h} & 0 & 0 & \frac{c\beta_h I_h^*}{N_h} & -(\mu_v + p) - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Kemudian diperoleh bentuk dari $\det[J - \lambda I] = 0$ adalah sebagai berikut.

$$\left(\frac{-c\beta_h \gamma - \mu_h c\beta_h x(\mu_v + p)N_h}{c\beta_h x(\mu_v + p)N_h} - \lambda\right) \left(-(\mu_h + \sigma_h) - \lambda\right) \left((\mu_h + \delta_h) - \lambda\right) \left(-\mu_h - \lambda\right) \left(\frac{-c\beta_v \gamma - (\mu_v + p)c\beta_v zN_h}{c\beta_v zN_h} - \lambda\right) \left(-(\mu_v + p) - \lambda\right) \quad (4.6)$$

Berdasarkan persamaan karakteristik 4.6 maka didapatkan nilai eigen sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \frac{-c\beta_h \gamma - \mu_h c\beta_h x(\mu_v + p)}{c\beta_h x(\mu_v + p)} \\ \lambda_2 &= -\mu_h - \sigma_h \\ \lambda_3 &= -\mu_h - \delta_h \\ \lambda_4 &= -\mu_h \\ \lambda_5 &= \frac{-c\beta_v \gamma - (\mu_v + p) - c\beta_v z}{c\beta_v zN_h} \end{aligned}$$

$$\lambda_6 = -\mu_v - p$$

dengan,

$$x = \mu_h \mu_v N_h + \mu_h p N_h + \mu_v \sigma_h N_h + p \sigma_h N_h + c\beta_v A_h$$

$$\begin{aligned} y &= -\mu_h^2 \mu_v^2 N_h^2 - \mu_h \mu_v^2 N_h^2 \sigma_h - 2\mu_h^2 \mu_v N_h^2 p \\ &\quad - 2\mu_h \mu_v N_h^2 p \sigma_h - \mu_h^2 N_h^2 p^2 \\ &\quad - \mu_h N_h^2 p^2 \sigma_h + c^2 \beta_h \beta_v A_h A_v \\ z &= \mu_h^2 \mu_v N_h + \mu_h^2 p N_h + \mu_h \mu_v \sigma_h N_h + \mu_h p \sigma_h N_h \\ &\quad + c\beta_h A_v \mu_h + c\beta_h A_v \sigma_h \end{aligned}$$

Dari bentuk di atas didapatkan bahwa semua nilai eigen bernilai negatif kecuali $\lambda_{1,5}$. Berdasarkan Teorema 2.1 suatu sistem dikatakan stabil asimtotik jika dan hanya jika semua nilai eigen bernilai negatif. Agar $\lambda_{1,5}$ negatif maka keduanya harus memiliki syarat sebagai berikut.

$$Ac\beta_h < \min\{(Bc\beta_h + \mu_h c\beta_h x(\mu_v + p)), (Bc\beta_v(\mu_v + p)c\beta_h z)\}$$

dengan,

$$\begin{aligned} -A &= -\mu_h^2 \mu_v^2 N_h^2 - \mu_h \mu_v^2 N_h^2 \sigma_h - 2\mu_h^2 \mu_v N_h^2 p \\ &\quad - 2\mu_h \mu_v N_h^2 p \sigma_h - \mu_h^2 N_h^2 p^2 \\ &\quad - \mu_h N_h^2 p^2 \sigma_h \end{aligned}$$

$$B = c^2 \beta_h \beta_v A_h A_v$$

Selanjutnya didapatkan nilai

$$0.2810449170 < \min\{(1.466769784, 1.391839634)\}$$

Dapat disimpulkan bahwa kestabilan titik kesetimbangan endemik pada sistem ini stabil asimtotik.

Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan terhadap kondisi bebas penyakit dan endemik. Nilai parameter sistem ini merujuk dari asumsi dan beberapa artikel pendukung dengan rincian parameter yang digunakan adalah sebagai berikut.

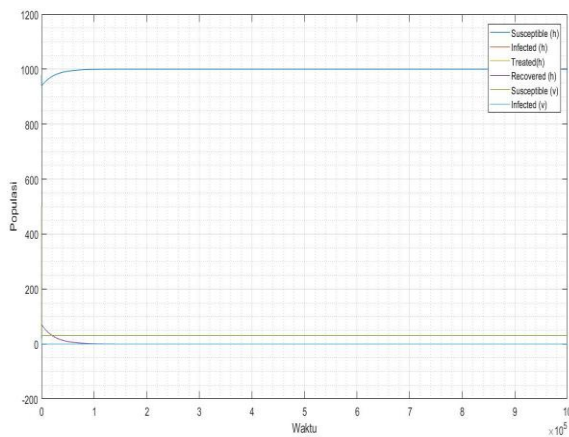
Tabel 4.2 Nilai Parameter Penyebaran DBD Model SITR-SI

Simbol	Nilai	Referensi
A_h	$\frac{1000}{65 \times 365}$	(Bustamam et al., 2018)
A_v	$\frac{500}{30}$	(Aldila et al., 2013)
μ_h	$\frac{1}{65 \times 365}$	(Bustamam et al., 2018)
μ_v	$\frac{1}{30}$	(Bustamam et al., 2018)
p	0.5	Asumsi
c	1	(Bustamam et al., 2018)
β_h	0.75	(Bustamam et al., 2018)
β_v	0.375	Bustamam et al., 2018)
σ_h	$\frac{1}{4}$	Asumsi

δ_h	$\frac{1}{14}$	(Bustamam et al., 2018)
N_h	1000	(Bustamam et al., 2018)

1. Simulasi model penyebaran DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* saat bebas penyakit

Simulasi model pada saat bebas penyakit dengan nilai awal manusia rentan (S_h) = 980, manusia terinfeksi (I_h) = 20, manusia diobati (T_h) = 0, manusia sembuh (R_h) = 0 sedangkan pada nyamuk nilai awal nyamuk rentan (S_v) = 499 dan nyamuk terinfeksi (I_v) = 20. Berdasarkan nilai parameter pada tabel 1 maka diperoleh nilai $R_0 = 0.2567233082$. Nilai $R_0 < 1$ tersebut menunjukkan bahwa tidak terjadi pandemi penyakit DBD. Berdasarkan perhitungan analisis kestabilan, jika $R_0 < 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik. Hal ini juga ditunjukkan dengan simulasi menggunakan *software* Matlab 2017b, diperoleh nilai pada titik kesetimbangan bebas penyakit $E^0(S_h^0, I_h^0, T_h^0, R_h^0, S_v^0, I_v^0) = (1000, 0, 0, 0, 31.2500, 0)$ dengan grafik simulasi sebagai berikut.



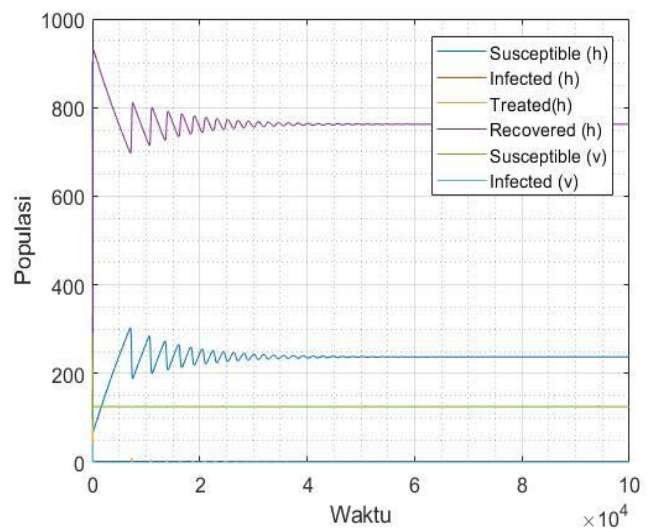
Gambar 4.2 Hasil simulasi model matematika penyebaran penyakit DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* saat bebas penyakit

Gambar 4.2 menunjukkan hasil simulasi sistem pada saat kondisi bebas penyakit untuk populasi manusia *Infected* (I_h), manusia *Treated* (T_h), manusia *Recovered* (R_h) dan nyamuk *Infected* (I_v) konvergen ke nilai 0 yang artinya penyakit DBD akan menghilang dalam populasi.

2. Simulasi model penyebaran DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* saat endemik

Simulasi model pada saat endemik dengan parameter yang sama pada tabel 4.1 dengan

memperbesar parameter tingkat *fogging* (p) dan tingkat gigitan nyamuk (c) dengan nilai awal manusia rentan (S_h) = 980, manusia terinfeksi (I_h) = 20, manusia diobati (T_h) = 0, manusia sembuh (R_h) = 0 sedangkan pada nyamuk nilai awal nyamuk rentan (S_v) = 499 dan nyamuk terinfeksi (I_v) = 20. Berdasarkan nilai parameter pada tabel 4.1 maka diperoleh nilai $R_0 = 2.053786466$. Nilai $R_0 > 1$ tersebut menunjukkan bahwa terjadi penyebaran penyakit DBD. Berdasarkan perhitungan analisis kestabilan, jika $R_0 > 1$ maka titik kesetimbangan endemik stabil asimtotik. Hal ini juga dibuktikan dengan simulasi menggunakan Matlab 2017b, diperoleh nilai pada titik kesetimbangan endemik $E^*(S_h^*, I_h^*, T_h^*, R_h^*, S_v^*, I_v^*) = (237.2484661, 0.1285771055, 0.4497544714, 762.1732024, 124.9096596, 0.09034043895)$ dengan grafik simulasi sebagai berikut.



Gambar 4.3 Hasil simulasi model matematika penyebaran penyakit DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* saat endemik

Gambar 4.3 menunjukkan hasil simulasi sistem pada saat endemik untuk populasi manusia rentan (S_h), manusia terinfeksi (I_h), manusia diobati (T_h), populasi manusia sembuh (R_h), nyamuk rentan (S_v) dan nyamuk terinfeksi (I_v) jika tingkat *fogging* atau pengasapan (p) diminimalkan menjadi 0.1 serta tingkat gigitan nyamuk (c) diperbesar menjadi 2 gigitan per hari maka dalam kurun waktu tertentu penyakit DBD akan meningkat dan berkembang menjadi endemik. Perubahan nilai tingkat *fogging* dan tingkat gigitan nyamuk sangat berpengaruh besar terhadap penyebaran DBD di mana jika tingkat *fogging* diminimalkan di wilayah tersebut dan tingkat gigitan nyamuk semakin besar maka di

wilayah tersebut DBD akan berkembang menjadi endemi.

Pada penelitian ini titik kesetimbangan endemik membutuhkan waktu yang lama untuk dalam kondisi stabil. Hal ini sesuai dengan penelitian yang dilakukan oleh Pongsumpun & Tang (2003) di mana pada sistem yang tidak memperhatikan pembagian kelompok usia lebih membutuhkan waktu yang lama pada kondisi stabil.

PENUTUP

SIMPULAN

1. Berdasarkan pembahasan di atas diperoleh model penyebaran penyakit DBD dengan pengaruh *treatment* dan *fogging* sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= A_h - \frac{c\beta_h S_h I_v}{N_h} - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \frac{c\beta_h S_h I_v}{N_h} - (\mu_h + \sigma_h) I_h \\ \frac{dT_h}{dt} &= \sigma_h I_h - (\mu_h + \delta_h) T_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= \delta_h T_h - \mu_h R_h \\ \frac{dS_v}{dt} &= A_v - \frac{c\beta_v S_v I_h}{N_h} - (\mu_v + p) S_v \\ \frac{dI_v}{dt} &= \frac{c\beta_v S_v I_h}{N_h} - (\mu_v + p) I_v \end{aligned}$$

2. Sistem tersebut memiliki dua titik kesetimbangan yakni titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik

a. Titik kesetimbangan bebas penyakit

$$\begin{aligned} E^0 &= (S_h^0, I_h^0, T_h^0, R_h^0, S_v^0, I_v^0) \\ &= \left(\frac{A_h}{\mu_h}, 0, 0, 0, \frac{A_v}{\mu_v + p}, 0 \right) \end{aligned}$$

b. Titik kesetimbangan endemik

$$\begin{aligned} S_h^* &= \frac{x(\mu_v + p)N_h}{c\beta_v(c\beta_h A_v + \mu_h \mu_v N_h + \mu_h p N_h)} \\ I_h^* &= \frac{y}{c\beta_v(z)} \\ T_h^* &= \frac{\sigma_h(y)}{c\beta_v(\mu_h + \delta_h)z} \\ R_h^* &= \frac{\delta_h \sigma_h y}{c\beta_v \mu_h (\mu_h + \delta_h)z} \\ S_v^* &= \frac{z N_h}{c\beta_h x} \\ I_v^* &= \frac{y}{c\beta_h x(\mu_v + p)} \end{aligned}$$

dengan,

$$x = \mu_h \mu_v N_h + \mu_h p N_h + \mu_v \sigma_h N_h + p \sigma_h N_h + c\beta_v A_h$$

$$\begin{aligned} y &= -\mu_h^2 \mu_v^2 N_h^2 - \mu_h \mu_v^2 N_h^2 \sigma_h - 2\mu_h^2 \mu_v N_h^2 p \\ &\quad - 2\mu_h \mu_v N_h^2 p \sigma_h - \mu_h^2 N_h^2 p^2 \\ &\quad - \mu_h N_h^2 p^2 \sigma_h + c^2 \beta_h \beta_v A_h A_v \\ z &= \mu_h^2 \mu_v N_h + \mu_h^2 p N_h + \mu_h \mu_v \sigma_h N_h + \mu_h p \sigma_h N_h \\ &\quad + c\beta_h A_v \mu_h + c\beta_h A_v \sigma_h \end{aligned}$$

Kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit jika $R_0 < 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik. Jika semua nilai eigen bernilai negatif maka titik kesetimbangan endemik stabil asimtotik. Nilai bilangan reproduksi dasar (R_0) didapatkan dengan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM) diperoleh bentuk $R_0 = \frac{c\sqrt{\beta_h \beta_v A_h A_v \mu_h (\mu_h + \sigma_h)}}{\mu_h N_h (\mu_h + \sigma_h) (\mu_v + p)}$.

3. Simulasi dengan menggunakan *software* Matlab 2017b dengan nilai awal dan parameter pada tabel 4.2 maka didapatkan

- a. Model penyebaran penyakit DBD dipengaruhi oleh tingkat *fogging* atau pengasapan serta tingkat gigitan nyamuk (c). Jika tingkat *fogging* atau pengasapan dimaksimalkan serta tingkat gigitan nyamuk (c) diminimalkan maka nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 < 1$. Artinya penyakit DBD menghilang dari populasi.
- b. Jika penyebaran penyakit DBD dipengaruhi tingkat *fogging* atau pengasapan yang diminimalkan serta laju gigitan nyamuk (c) yang diperbesar maka nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 > 1$. Artinya penyakit tersebut berkembang menjadi endemi.

SARAN

Setelah penelitian ini dilakukan, diperoleh bahwa tingkat *fogging* atau pengasapan (p) serta tingkat gigitan nyamuk (c) sangat berpengaruh terhadap penyebaran penyakit DBD. Maka, saran untuk pemerintah agar meningkatkan sanitasi lingkungan yakni dengan cara melakukan penyuluhan kepada masyarakat akan pentingnya menjaga kebersihan serta lebih memaksimalkan upaya *fogging* atau pengasapan untuk memberantas nyamuk penyebab demam berdarah dengue. Untuk penelitian selanjutnya dapat dikembangkan dengan memperhatikan pembagian kelompok usia pada populasi manusia.

DAFTAR PUSTAKA

- Aldila, D., Götz, T., & Soewono, E. (2013). An optimal control problem arising from a dengue disease transmission model. *Mathematical Biosciences*, 242(1), 9–16. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2012.11.014>
- Bustamam, A., Aldila, A., & Yuwanda, A. (2018). Understanding dengue control for short-and-long term intervention with a mathematical model approach. *Journal Of Applied Mathematics* 2018.
- Dania, I. A. (2016). Gambaran Penyakit dan Vektor Demam Berdarah Dengue (DBD). *Warta Dharmawangsa*, 48.
- Gurung, D. B., & Phaijoo, G. R. (2018). Sensitivity Analysis of SEIR-SEI Model of Dengue Disease. *GAMS Journal of Mathematics and Mathematical Biosciences*, 6, 41–50. <https://www.researchgate.net/publication/329714283>
- Kementerian Kesehatan RI. (2021). Data DBD Indonesia. *Kementerian Kesehatan Republik Indonesia*, 30.
- Kementerian Kesehatan RI. (2023). *Atasi Dengue, Kemenkes Kembangkan Dua Teknologi ini. Sehat Negeriku*. <https://sehatnegeriku.kemkes.go.id/baca/mum/20230205/3642353/atasi-dengue-kemenkes-kembangkan-dua-teknologi-ini/>
- Massawe, L. N., Massawe, E. S., & Makinde, O. D. (2015). Temporal Model for Dengue Disease with Treatment. *Advances in Infectious Diseases*, 05(01), 21–36.
- Nurindra, R. W., Santya, R. N. R. E., & Prasetyowati, H. (2015). Gambaran upaya pencarian pengobatan penderita DBD di Kota Sukabumi Tahun 2012. *Balaba: Jurnal Litbang Pengendalian Penyakit Bersumber Binatang Banjarnegara*, 11(01), 15–22.
- Olsder, G. J., & Woude, J. . van der. (1998). *Mathematical System Theory*. Delf University Press.
- Pongsumpun, P., & Tang, I. M. (2003). Transmission of dengue hemorrhagic fever in an age structured population. *Mathematical and Computer Modelling*, 37(9–10), 949–961. [https://doi.org/10.1016/S0895-7177\(03\)00111-0](https://doi.org/10.1016/S0895-7177(03)00111-0)
- Putra, R. T., Sukatik, & Nita, S. (2015). Kestabilan Model Epidemi SEIR Dengan Laju Insidensi. *Jurnal Ilmiah Poli Rekayasa*, 10(2), 74. <https://doi.org/10.30630/jipr.10.2.77>
- Sabran, L. O., & Jannah, M. (2020). Model Matematika SEIR-SEI Pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue dengan Pengaruh Suhu. *MApp (Mathematics and Applications) Journal*, 2(2), 66–78.
- WHO. (2009). *Dengue: Guidelines for Diagnosis, Treatment, Prevention and Control*. World Health Organization.
- Wiggins, S. (2003). *Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Sistem and Chaos* (2nd ed.). Springer.
- Windawati, S., Shodiqin, A., & Aini, A. N. (2020). Analisis Kestabilan Model Matematika Penyebaran Penyakit Demam Berdarah dengan Pengaruh Fogging. *Square: Journal of Mathematics and Mathematics Education*, 2(1), 1–16.
- Zhien, M., Zhou, Y., & Wu, J. (2009). *Modeling and Dynamics of Infectious and Diseases*. Higher Education Press.