

## Model SEIR dengan Struktur Tahap Hidup Nyamuk *Aedes albopictus*

James Uriel Livingstone Mangobi<sup>1\*</sup>, Santje Matulende Salajang<sup>2</sup>, Cori Pitoy<sup>3</sup>  
<sup>1,2,3</sup>Jurusan Matematika, Fakultas Matematika, Ilmu Pengetahuan Alam dan  
Kebumian, Universitas Negeri Manado, Indonesia  
\*Corresponding author: jamesmangobi@unima.ac.id

### ABSTRAK.

Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji model SEIR untuk penyebaran penyakit DBD dan melakukan analisis kestabilan titik tetap, serta melakukan simulasi numerik. Struktur tahap hidup nyamuk *Aedes albopictus* dipertimbangkan dalam model SEIR Demam Berdarah Dengue (DBD) yang dikaji dan disimulasikan secara numerik. Kajian model ini meliputi pencarian *disease-free equilibrium* (DFE), pencarian *the basic reproduction number*  $\mathcal{R}_0$ , dan analisis kestabilan DFE, sedangkan simulasi numerik dilakukan untuk melihat dampak perubahan laju kematian nyamuk dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi. Untuk nilai parameter tertentu, model yang dikaji ini menunjukkan terjadinya endemik dalam suatu daerah. Kajian model SEIR menghasilkan *disease-free equilibrium* (DFE), yang stabil ketika  $\mathcal{R}_0 < 1$ , sebaliknya tidak stabil ketika  $\mathcal{R}_0 > 1$ . Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa terjadinya epidemik atau tidak dipengaruhi oleh parameter  $\mu_a$  dan  $b_i$  yang mempengaruhi nilai  $\mathcal{R}_0$ . Simulasi menunjukkan bahwa peningkatan laju kematian nyamuk akan menurunkan jumlah manusia terpapar. Selain itu, peningkatan rata-rata gigitan nyamuk yang terinfeksi akan meningkatkan jumlah manusia terpapar.

**Kata kunci:** *A stage-structured model; Aedes albopictus; demam berdarah dengue; disease-free equilibrium; virus dengue*

## SEIR Model of Dengue Hemorrhagic Fever with the Life Stage Structure of the *Aedes albopictus* Mosquito

### ABSTRACT

The aims of this research to examine the SEIR model for the spread of dengue fever and carry out fixed point stability analysis, as well as carrying out numerical simulations. The structure of the life stage of the *Aedes albopictus* mosquito is considered in the SEIR model of Dengue Hemorrhagic Fever (DHF), which is studied and simulated numerically. This model study includes the search for disease-free equilibrium (DFE), the search for the basic reproduction number  $\mathcal{R}_0$ , and the analysis of the stability of the DFE, while numerical simulations are carried out to see the impact of changes in the death rate of mosquitoes and the average bite rate of infected mosquitoes. For certain parameter values, the model under study shows the occurrence of endemics in an area. The SEIR model study produces a disease-free equilibrium (DFE), which is stable when  $\mathcal{R}_0 < 1$ , but unstable when  $\mathcal{R}_0 > 1$ . The numerical simulation results show that the occurrence of an epidemic is not affected by the parameters  $\mu_a$  and  $b_i$  which affect the value of  $\mathcal{R}_0$ . Simulations show that an increase in the death rate of mosquitoes will reduce the number of humans exposed to them. In addition, an increase in the average number of infected mosquito bites will increase the number of humans exposed.

**Keywords:** *A stage-structured model; Aedes albopictus; dengue hemorrhagic fever; disease-free equilibrium; dengue virus*

(Article History: Received 20-06-2023; Accepted 10-09-2023; Published 20-10-2023)

## PENDAHULUAN

Virus dengue menyebabkan demam akut, yang dikenal sebagai Demam Berdarah Dengue (DBD). Virus ini memiliki empat serotipe, yaitu DEN-1, DEN-2, DEN-3, dan DEN-4 (Asih *et al.*, 2021; Chamnan & Pongsumpun, 2021). Penularan virus dengue ke manusia dilakukan oleh nyamuk *Aedes sp* sebagai vektor yang sangat efektif dan efisien karena berasosiasi dengan kehidupan manusia. Perilaku nyamuk betina dewasa yang telah terinfeksi virus dengue yang menggigit dan menghisap darah manusia. Itulah sebabnya penyakit ini dapat dengan mudah menjadi wabah (epidemi) pada populasi manusia (Jia *et al.*, 2017; Marini *et al.*, 2016; Metelmann *et al.*, 2019; Ndi *et al.*, 2015; Taghikhani *et al.*, 2020).

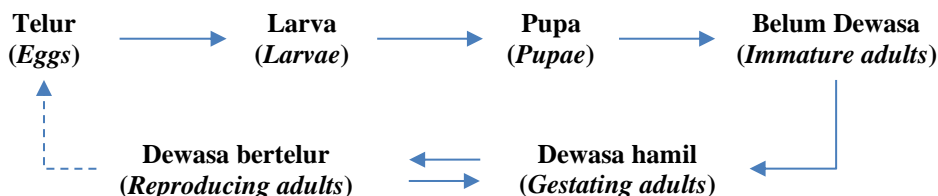
WHO memperkirakan sekitar 100–400 juta kejadian infeksi terjadi setiap tahun (Anonymous, 2023). Kejadian luar biasa DBD di Indonesia sudah tercatat sejak tahun 1988. Hingga akhir tahun 2022. Kematian manusia akibat DBD masih terbilang tinggi menurut catatan Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (Kemenkes RI). Upaya pencegahan epidemik DBD di Indonesia yang difokuskan pada pemberantasan nyamuk pembawa virus masih belum memuaskan. Rendahnya anggaran pemerintah untuk pengendalian wabah, keterbatasan infrastruktur serta kurangnya data dan informasi menjadi penyebab utama keterlambatan Indonesia dalam pencegahan dan penanggulangan wabah ini.

Pemodelan matematis dapat membantu memahami dan mengidentifikasi hubungan antara berbagai parameter epidemiologi dan penyebaran penyakit DBD. Model matematika merupakan penyederhanaan suatu fenomena. Penyebaran DBD dimodelkan dengan mendefinisikan unit-unit yang menggambarkan fenomena penyebaran penyakit dan hubungan antar unit tersebut. Unit ini merupakan suatu *compartment* atau wadah hipotetik yang berisi bahan tertentu (de los Reyes & Escaner, 2018; Saha *et al.*, 2023; Sianturi, 2015).

Menurut Edelstein-Keshet dalam bukunya yang berjudul *Mathematical Models in Biology*, banyak model matematis yang telah dikembangkan untuk memahami dan mengidentifikasi hubungan antara penyebaran DBD dan berbagai parameter epidemiologi, salah satunya ialah *Susceptible-Exposed-Infected-Recovered* disingkat SEIR (Erguler *et al.*, 2016; Sianturi, 2015). Banyaknya individu rentan pada waktu tertentu termasuk dalam kompartemen *Susceptible* yang dinotasikan dengan  $S(t)$ , banyaknya individu terpapar pada waktu tertentu termasuk dalam kompartemen *Exposed* yang dinotasikan dengan  $E(t)$ , banyaknya individu terinfeksi pada waktu tertentu termasuk dalam kompartemen *Infected* yang dinotasikan dengan  $I(t)$ , dan banyaknya individu sembuh pada waktu tertentu termasuk dalam kompartemen *Recovered* yang dinotasikan dengan  $R(t)$ .

Model SEIR yang dikaji oleh Erickson *et al.* (2010) dalam artikel yang berjudul *A stage-structured, Aedes albopictus population model*, menempatkan nyamuk *Aedes albopictus* sebagai vektor utama. Banyaknya kasus DBD disebabkan oleh nyamuk ini, karena mempunyai cakupan yang lebih besar dan lebih sulit dikendalikan. Semua spesies nyamuk, termasuk *Ae. albopictus*, yang memiliki empat tahap hidup, yakni: *Egg*, *Larvae*, *Pupae*, dan *Adult* (Anonymous, 2022). *A stage-structured model* dipilih karena *Ae. albopictus* memiliki tingkat perkembangan dan kematian yang bervariasi untuk berbagai tahap. Pada tahap dewasa, selanjutnya dipecah menjadi tahap belum dewasa (*Immature*

*adults*), tahap kehamilan (*Gestating adults*), dan tahap reproduksi (*Reproducing adults*). Oleh karena itu, total enam tahap digunakan sebagaimana ditunjukkan dalam Gambar 1.



**Gambar 1.** Model Struktur Tahap Hidup Nyamuk *Ae. albopictus*

Telah banyak penelitian yang menggambarkan penyebaran penyakit DBD dengan menggunakan model SEIR, seperti yang dilakukan oleh Mangobi *et al.* (2011). Dalam penelitian itu, nyamuk (vektor) yang dimodelkan adalah nyamuk betina dewasa (*adult*). Model SEIR yang dibangun belum menyentuh tahap *Egg* (Telur), *Larvae* (Larva) dan *Pupae* (Pupa), yaitu tiga dari empat tahap hidup nyamuk sebelum menjadi tahap *Adult* (Dewasa). Model SEIR yang dibicarakan dalam artikel ini telah memasukkan keempat tahap hidup nyamuk.

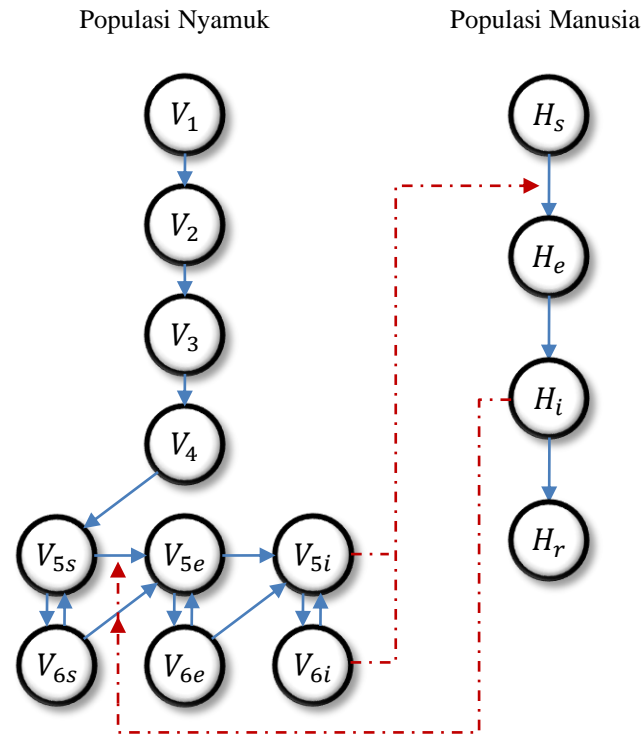
Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji model SEIR untuk penyebaran penyakit DBD dan melakukan analisis kestabilan titik tetap, serta melakukan simulasi numerik. Model SEIR yang dikaji ialah model yang mempertimbangkan struktur tahap hidup nyamuk *Ae. Albopictus*, sedangkan simulasi numerik dilakukan untuk mempelajari dampak perubahan laju kematian nyamuk dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi terhadap populasi manusia.

## METODE PENELITIAN

Model SEIR yang dikaji mempertimbangkan struktur tahap hidup nyamuk *Ae. albopictus*. Model ini diambil karena telur nyamuk dapat terinfeksi jika nyamuk *Ae. albopictus* dewasa sudah terinfeksi virus dengue. Kajian model ini meliputi pencarian *disease-free equilibrium* (DFE), pencarian *the basic reproduction number*  $\mathcal{R}_0$ , dan analisis kestabilan DFE, sedangkan simulasi numerik dilakukan untuk melihat dampak perubahan laju kematian nyamuk dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi.

### Model SEIR berdasarkan Struktur Tahap Hidup Nyamuk *Ae. albopictus*

Penambahan tahap belum dewasa dalam model ini karena nyamuk membutuhkan waktu sehari sebelum mereka dapat menggigit. Tahap dewasa hamil dimasukkan karena periode waktu ini bervariasi berdasarkan kondisi iklim. Hanya nyamuk betina yang dimodelkan sehingga hanya tahap dewasa bertelur yang ada dalam model ini. Nyamuk dewasa bersiklus di antara kedua kondisi (hamil dan bertelur) ini hingga terjadi kematian. Tiga stadium penyakit, SEI, diidentifikasi untuk nyamuk betina dewasa hamil dan bertelur dengan subskrip (misalnya,  $V_{5s}$  mewakili betina dewasa hamil yang rentan).



**Gambar 2.** Diagram Alir Model SEIR berdasarkan Struktur Tahap Hidup Nyamuk *Ae. albopictus*

Populasi manusia  $N_h$  dibagi dalam 4 kompartemen, yakni manusia rentan (*susceptible*) yang dinotasikan dengan  $H_s$ , manusia terpapar (*exposed*) yang dinotasikan dengan  $H_e$ , manusia terinfeksi (*infected*) yang dinotasikan dengan  $H_i$ , dan manusia sembuh (*recovered*) yang dinotasikan dengan  $H_r$ . Total  $N_h$  diasumsikan tidak konstan dan merupakan populasi tertutup.

Populasi nyamuk  $N_v$  dibagi dalam 10 kompartemen, yakni telur (*eggs*) yang dinotasikan dengan  $V_1$ , larva (*larvae*) yang dinotasikan dengan  $V_2$ , pupa (*pupae*) yang dinotasikan dengan  $V_3$ , belum dewasa (*immature adults*) yang dinotasikan dengan  $V_4$ , dewasa hamil rentan (*susceptible gestating adults*) yang dinotasikan dengan  $V_{5s}$ , dewasa hamil terpapar (*exposed gestating adults*) yang dinotasikan dengan  $V_{5e}$ , dewasa hamil terinfeksi (*infected gestating adults*) yang dinotasikan dengan  $V_{5i}$ , dewasa bertelur rentan (*susceptible reproducing adults*) yang dinotasikan dengan  $V_{6s}$ , dewasa bertelur terpapar (*exposed reproducing adults*) yang dinotasikan dengan  $V_{6e}$ , dewasa bertelur terinfeksi (*infected reproducing adults*) yang dinotasikan dengan  $V_{6i}$ . Total  $N_v$  diasumsikan konstan dan merupakan populasi tertutup.

Dengue ditularkan melalui gigitan ketika virus berada di kelenjar ludah nyamuk. Ketika sudah berada dalam tubuh manusia, virus membutuhkan masa inkubasi intrinsik selama 4-6 hari sebelum penyakit berkembang. Selama masa itu, manusia rentan telah dikelompokkan ke kompartemen manusia terpapar. Ketika manusia terinfeksi yang sedang mengalami *viremia* digigit oleh nyamuk rentan, virus tertular ke nyamuk tersebut. Ketika sudah berada dalam tubuh nyamuk, virus membutuhkan masa inkubasi ekstrinsik selama 8-10 hari sebelum penyakit berkembang. Selama masa tersebut, nyamuk rentan telah dikelompokkan ke kompartemen nyamuk terpapar.

Berdasarkan model struktur tahap hidup nyamuk *Ae. albopictus* (Gambar 1) dan Diagram Alir Model SEIR (Gambar 2), model SEIR penyebaran penyakit DBD dapat dinyatakan sebagai:

### Populasi Manusia

$$\begin{cases} \frac{dH_s}{dt} = \lambda N_h - [C_{vh}(S_f V_{5i} + V_{6i})] \frac{H_s}{N_h} - \mu_h H_s \\ \frac{dH_e}{dt} = C_{vh}(S_f V_{5i} + V_{6i}) \frac{H_s}{N_h} - (\tau_{exh} + \mu_h) H_e \\ \frac{dH_i}{dt} = \tau_{exh} H_e - (\tau_{ih} + \alpha + \mu_h) H_i \\ \frac{dH_r}{dt} = \tau_{ih} H_i - \mu_h H_r \end{cases} \quad (1)$$

### Populasi Nyamuk

$$\begin{cases} \frac{dV_1}{dt} = e_p(V_{6s} + V_{6e} + V_{6i}) - (\tau_e + \mu_e)V_1 \\ \frac{dV_2}{dt} = \tau_e V_1 - (\tau_l + \mu_l)V_2 - \kappa V_2^2 \\ \frac{dV_3}{dt} = \tau_l V_2 - (\tau_p + \mu_p)V_3 \\ \frac{dV_4}{dt} = \tau_p V_3 - (\tau_i + \mu_a)V_4 \\ \frac{dV_{5s}}{dt} = \tau_i V_4 + \tau_r V_{6s} - \left(\tau_g + C_{hv} S_f \frac{H_i}{N_h} + \mu_a\right) V_{5s} \\ \frac{dV_{6s}}{dt} = \tau_g V_{5s} - \left(\tau_r + C_{hv} \frac{H_i}{N_h} + \mu_a\right) V_{6s} \\ \frac{dV_{5e}}{dt} = \tau_r V_{6e} + C_{hv}(S_f V_{5s} + V_{6s}) \frac{H_i}{N_h} - (\tau_g + \tau_{exv} + \mu_a) V_{5e} \\ \frac{dV_{6e}}{dt} = \tau_g V_{5e} - (\tau_r + \tau_{exv} + \mu_a) V_{6e} \\ \frac{dV_{5i}}{dt} = \tau_r V_{6i} + \tau_{exv}(V_{5e} + V_{6e}) - (\tau_g + \mu_a) V_{5i} \\ \frac{dV_{6i}}{dt} = \tau_g V_{5i} - (\tau_r + \mu_a) V_{6i} \end{cases} \quad (2)$$

dengan kondisi

$$H_s + H_e + H_i + H_r = N_h \text{ dan } V_1 + V_2 + V_3 + V_4 + V_{5s} + V_{6s} + V_{5e} + V_{6e} + V_{5i} + V_{6i} = N_v \quad (3)$$

serta

$N_h$  : jumlah total populasi manusia.

$N_v$  : jumlah total populasi nyamuk.

$\lambda$  : laju kelahiran manusia

$\alpha$  : laju kematian manusia karena DBD.

$\mu_h$  : laju kematian manusia secara alami.

$\mu_e$  : laju kematian telur.

$\mu_l$  : laju kematian larva.

$\mu_p$  : laju kematian pupa.

$\mu_a$  : laju kematian nyamuk belum dewasa atau dewasa.

$C_{vh}$  : peluang kontak antara nyamuk terinfeksi dengan manusia rentan.

$C_{hv}$  : peluang kontak antara manusia terinfeksi dengan nyamuk rentan.

$S_f$  : persentase harian vektor yang membutuhkan darah kedua.

$\kappa$  : daya dukung (*carring capacity*)

- $e_p$  : telur per eviposisi
- $\tau_{exh}$  : proporsi manusia terpapar berpindah ke manusia terinfeksi.
- $\tau_{ih}$  : proporsi manusia terinfeksi berpindah ke manusia sembuh.
- $\tau_{exv}$  : proporsi nyamuk terpapar berpindah ke nyamuk terinfeksi.
- $\tau_e$  : proporsi telur berpindah ke larva.
- $\tau_l$  : proporsi larva berpindah ke pupa.
- $\tau_p$  : proporsi pupa berpindah ke nyamuk belum dewasa.
- $\tau_i$  : proporsi nyamuk belum dewasa berpindah ke nyamuk dewasa rentan.
- $\tau_g$  : proporsi nyamuk dewasa hamil (rentan/terpapar/terinfeksi) berpindah ke nyamuk dewasa bertelur (rentan/terpapar/terinfeksi).
- $\tau_r$  : proporsi nyamuk dewasa bertelur (rentan/terpapar/terinfeksi) berpindah ke nyamuk dewasa hamil (rentan/terpapar/terinfeksi).

Dengan pemisalan  $H_s^* = \frac{H_s}{N_h}, H_e^* = \frac{H_e}{N_h}, H_i^* = \frac{H_i}{N_h}, H_r^* = \frac{H_r}{N_h}, V_1^* = \frac{V_1}{N_v}, V_2^* = \frac{V_2}{N_v}, V_3^* = \frac{V_3}{N_v}, V_4^* = \frac{V_4}{N_v}, V_{5s}^* = \frac{V_{5s}}{N_v}, V_{6s}^* = \frac{V_{6s}}{N_v}, V_{5e}^* = \frac{V_{5e}}{N_v}, V_{6e}^* = \frac{V_{6e}}{N_v}, V_{5i}^* = \frac{V_{5i}}{N_v}$  dan  $V_{6i}^* = \frac{V_{6i}}{N_v}$ , dan menganggap bahwa nilai  $C_{hv} = C_{vh} = c$ , maka diperoleh bentuk sederhana sistem (1) dan (2) serta kondisi (3) berikut:

$$\left\{ \begin{aligned} \frac{dH_s^*}{dt} &= \lambda - [\mu_h + nc(s_f V_{5i}^* + V_{6i}^*)]H_s^* \\ \frac{dH_e^*}{dt} &= nc(s_f V_{5i}^* + V_{6i}^*)H_s^* - (\tau_{exh} + \mu_h)H_e^* \\ \frac{dH_i^*}{dt} &= \tau_{exh}H_e^* - (\tau_{ih} + \alpha + \mu_h)H_i^* \\ \frac{dV_2^*}{dt} &= \tau_e(1 - V_2^* - V_3^* - V_4^* - V_{5s}^* - V_{6s}^* - V_{5e}^* - V_{6e}^* - V_{5i}^* - V_{6i}^*) - (\tau_l + \mu_l)V_2^* - \kappa N_v V_2^{*2} \\ \frac{dV_3^*}{dt} &= \tau_l V_2^* - (\tau_p + \mu_p)V_3^* \\ \frac{dV_4^*}{dt} &= \tau_p V_3^* - (\tau_i + \mu_a)V_4^* \\ \frac{dV_{5s}^*}{dt} &= \tau_i V_4^* + \tau_r V_{6s}^* - (\tau_g + c s_f H_i^* + \mu_a)V_{5s}^* \\ \frac{dV_{6s}^*}{dt} &= \tau_g V_{5s}^* - (\tau_r + c H_i^* + \mu_a)V_{6s}^* \\ \frac{dV_{5e}^*}{dt} &= \tau_r V_{6e}^* + nc(s_f V_{5s}^* + V_{6s}^*)H_i^* - (\tau_g + \tau_{exv} + \mu_a)V_{5e}^* \\ \frac{dV_{6e}^*}{dt} &= \tau_g V_{5e}^* - (\tau_r + \tau_{exv} + \mu_a)V_{6e}^* \\ \frac{dV_{5i}^*}{dt} &= \tau_r V_{6i}^* + \tau_{exv}(V_{5e}^* + V_{6e}^*) - (\tau_g + \mu_a)V_{5i}^* \\ \frac{dV_{6i}^*}{dt} &= \tau_g V_{5i}^* - (\tau_r + \mu_a)V_{6i}^* \end{aligned} \right. \tag{4}$$

dengan  $n = \frac{N_v}{N_h}$  serta kondisi

$$H_s^* + H_e^* + H_i^* + H_r^* = 1 \text{ dan } V_1^* + V_2^* + V_3^* + V_4^* + V_{5s}^* + V_{6s}^* + V_{5e}^* + V_{6e}^* + V_{5i}^* + V_{6i}^* = 1 \tag{5}$$

### HASIL DAN PEMBAHASAN

#### 1. Titik Tetap dan Kestabilannya

Dengan menyelesaikan sistem (4) pada daerah  $\Omega$ , yakni

$$\Omega = \{(H_s^*, H_e^*, H_i^*, V_2^*, V_3^*, V_4^*, V_{5s}^*, V_{6s}^*, V_{5e}^*, V_{6e}^*, V_{5i}^*, V_{6i}^*) \in \mathbb{R}_+^{12} | H_s^* + H_e^* + H_i^* \leq 1, V_2^* + V_3^* + V_4^* + V_{5s}^* + V_{6s}^* + V_{5e}^* + V_{6e}^* + V_{5i}^* + V_{6i}^* \leq 1\},$$

pada saat

$\frac{dH_s^*}{dt} = \frac{dH_e^*}{dt} = \frac{dH_i^*}{dt} = \frac{dV_2^*}{dt} = \frac{dV_3^*}{dt} = \frac{dV_4^*}{dt} = \frac{dV_{5s}^*}{dt} = \frac{dV_{6s}^*}{dt} = \frac{dV_{5e}^*}{dt} = \frac{dV_{6e}^*}{dt} = \frac{dV_{5i}^*}{dt} = \frac{dV_{6i}^*}{dt} = 0$ ,  
 diperoleh titik *disease-free equilibrium* (DFE),

$$T(H_s^*, H_e^*, H_i^*, V_2^*, V_3^*, V_4^*, V_{5s}^*, V_{6s}^*, V_{5e}^*, V_{6e}^*, V_{5i}^*, V_{6i}^*) = T(\lambda/\mu_h, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0). \quad (6)$$

Titik DFE (6) ada, jika  $\beta_e = \frac{e_p \tau_e}{\tau_e} + \mu_a > [(\tau_r + \mu_a)(\tau_g + \mu_a) - \tau_r \tau_g](\tau_i + \mu_a)(\tau_p + \mu_p)(\tau_l + \mu_l) / \tau_g \tau_i \tau_l \tau_p = \beta_0$  yang didasarkan pada kriteria Routh-Hurwitz (Bodson, 2020) dan akan stabil ketika *the basic reproduction number*  $\mathfrak{R}_0 = \sqrt{\xi} < 1$  untuk  $0 \leq \xi < 1$ , sebaliknya tidak stabil ketika  $\mathfrak{R}_0 = \sqrt{\xi} > 1$ . Bilangan  $\mathfrak{R}_0$  didefinisikan sebagai nilai harapan banyaknya populasi rentan yang menjadi terinfeksi selama masa infeksi berlangsung. (Khan *et al.*, 2014; Posny & Wang, 2014).

Dengan menentukan *the next generation matrix* (Levin *et al.*, 2017; Yang, 2014) untuk sistem (4) pada titik DFE (6), maka rumusan  $\mathfrak{R}_0$  diberikan oleh

$$\mathfrak{R}_0 = \sqrt{\xi} = \sqrt{\frac{c^2 (s_f V_{5s} + V_{6s}) \tau_{exh} \tau_{exv} [\tau_g + s_f (\mu_a + \tau_r)]}{\mu_a (\mu_a + \tau_{exv}) (\mu_a + \tau_g + \tau_r) (\mu_h + \tau_{exh}) (\tau_{ih} + \alpha + \mu_h)}}$$

dengan

$$\xi = \frac{c^2 (s_f V_{5s} + V_{6s}) \tau_{exh} \tau_{exv} [\tau_g + s_f (\mu_a + \tau_r)]}{\mu_a (\mu_a + \tau_{exv}) (\mu_a + \tau_g + \tau_r) (\mu_h + \tau_{exh}) (\tau_{ih} + \alpha + \mu_h)}$$

## 2. Simulasi Dinamika Populasi Penularan Virus Dengue pada Kondisi $\mathfrak{R}_0 < 1$

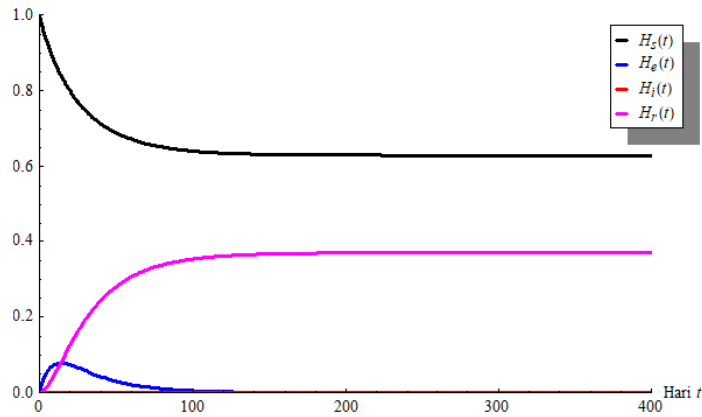
Analisis dinamika populasi manusia dan nyamuk dilakukan melalui perubahan nilai parameter laju kematian nyamuk ( $\mu_a$ ) dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi ( $b_i$ ). Nilai  $\mu_a$  berada pada [0.01, 0.09], sedangkan nilai  $b_i$  pada [0.25, 0.60].

**Tabel 1** Parameter Model SEIR dalam Simulasi Numerik

Parameter	Notasi	Nilai
Laju kelahiran manusia per hari	$\lambda$	$2,244 \times 10^{-5}$
Laju kematian manusia karena DBD per hari	$\alpha$	1/0,003
Laju kematian manusia secara alami per hari	$\mu_h$	1/28000
Laju kematian telur per hari	$\mu_e$	0,05
Laju kematian larva per hari	$\mu_l$	0,025
Laju kematian pupa per hari	$\mu_p$	0,0025
Laju kematian nyamuk belum dewasa atau dewasa per hari	$\mu_a$	0,0501
Persentase harian vektor yang membutuhkan darah kedua	$s_f$	0,03
Daya dukung ( <i>carring capacity</i> )	$\kappa$	$10^{-3}$
Jumlah telur per eviposisi	$e_p$	30
Proporsi manusia terpapar berpindah ke manusia terinfeksi per hari	$\tau_{exh}$	1/10
Proporsi manusia terinfeksi berpindah ke manusia sembuh per hari	$\tau_{ih}$	1/4
Proporsi telur berpindah ke larva per hari	$\tau_e$	0,361
Proporsi larva berpindah ke pupa per hari	$\tau_l$	0,134
Proporsi pupa berpindah ke nyamuk belum dewasa per hari	$\tau_p$	0,342
Proporsi nyamuk belum dewasa berpindah ke nyamuk dewasa rentan per hari	$\tau_i$	1
Proporsi nyamuk dewasa hamil berpindah ke nyamuk dewasa bertelur per hari	$\tau_g$	0,401
Proporsi nyamuk dewasa bertelur berpindah ke nyamuk dewasa hamil per hari	$\tau_r$	1
Proporsi nyamuk terpapar berpindah ke nyamuk terinfeksi per hari	$\tau_{exv}$	1/9
Peluang transmisi virus dari nyamuk terinfeksi ke manusia per hari	$p_{vh}$	0,4
Peluang transmisi virus dari nyamuk terinfeksi ke telurnya	$\beta_e$	0,3

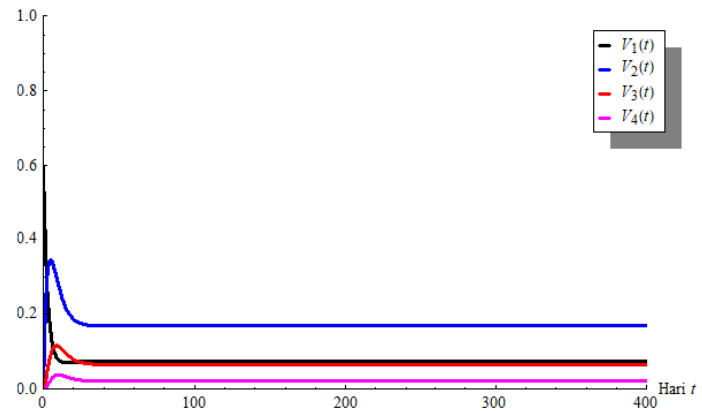
Sumber: Asih *et al.*, 2021; de los Reyes & Escaner, 2018; Ndi *et al.*, 2015, 2021

Untuk kondisi  $\mathfrak{R}_0 < 1$ , setiap kompartemen pada populasi manusia maupun nyamuk menunjukkan kestabilannya (Gambar 3 dan 4). Dengan menetapkan nilai  $\mu_a = 0,0325$  serta  $b_i = 0,3$ , untuk waktu  $t = 365$  hari, diperoleh gambar dinamika populasi dengan nilai  $\mathfrak{R}_0 = 0,01$ .

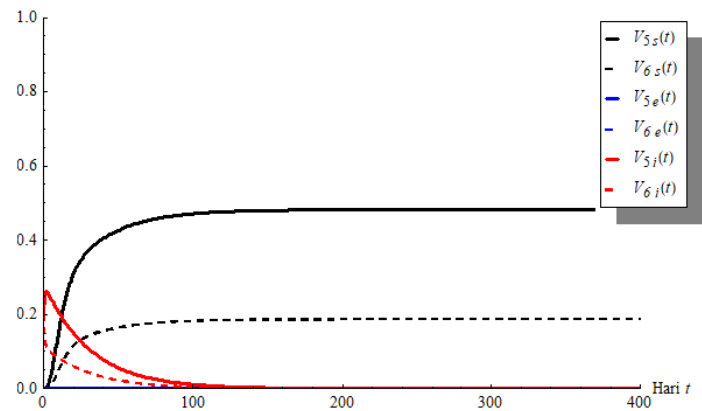


**Gambar 3.** Dinamika populasi manusia pada kondisi  $\mathfrak{R}_0 < 1$

Setelah tertular virus, jumlah manusia rentan  $H_s^*$  menurun hingga stabil ke  $H_s^* = \lambda/\mu_h = 0,63$ ). Berbeda dengan yang terjadi pada manusia terpapar  $H_e^*$  dan terinfeksi  $H_i^*$ , awalnya naik kemudian turun hingga stabil ke  $H_e^* = 0$  dan  $H_i^* = 0$ . Jumlah manusia sembuh  $H_r^*$  mengalami peningkatan hingga stabil ke  $H_r^* = 0,37$  (Gambar 3)



(a)



(b)

**Gambar 4.** Dinamika populasi nyamuk pada kondisi  $\mathfrak{R}_0 < 1$ . (a) telur, larva, pupa, dan belum dewasa, (b) nyamuk dewasa

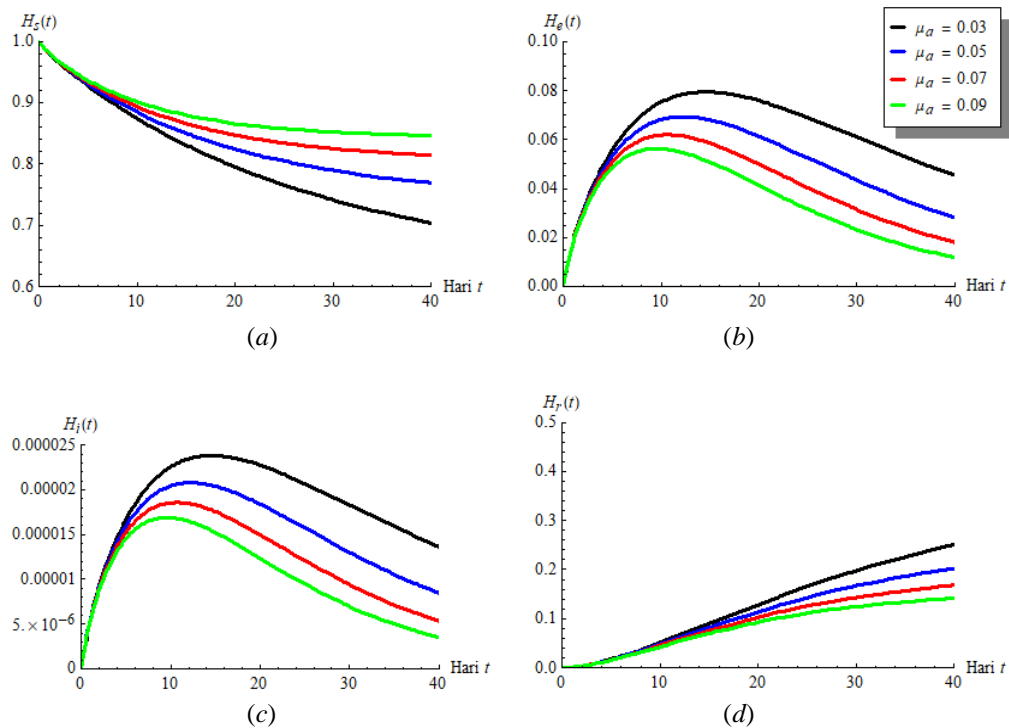


Pada Gambar 4, jumlah telur nyamuk  $V_1^*$  setelah tertular virus mengalami penurunan hingga stabil ke  $V_1^* = 0,07$ . Begitu juga dengan jumlah nyamuk dewasa bertelur terinfeksi  $V_{6i}^*$  yang mengalami penurunan hingga stabil ke  $V_{6i}^* = 0$ . Berbeda dengan yang terjadi pada larva  $V_2^*$ , pupa  $V_3^*$ , nyamuk belum dewasa  $V_4^*$ , nyamuk dewasa hamil rentan  $V_{5s}^*$ , nyamuk dewasa bertelur rentan  $V_{6s}^*$ , nyamuk dewasa hamil terpapar  $V_{5e}^*$ , nyamuk dewasa bertelur terpapar  $V_{6e}^*$ , dan nyamuk dewasa hamil terinfeksi  $V_{5i}^*$ , awalnya naik kemudian turun hingga stabil ke  $V_2^* = 0,17, V_3^* = 0,07, V_4^* = 0,02, V_{5s}^* = 0,48, V_{6s}^* = 0,19, V_{5e}^* = 0, V_{6e}^* = 0$ , dan  $V_{5i}^* = 0$ .

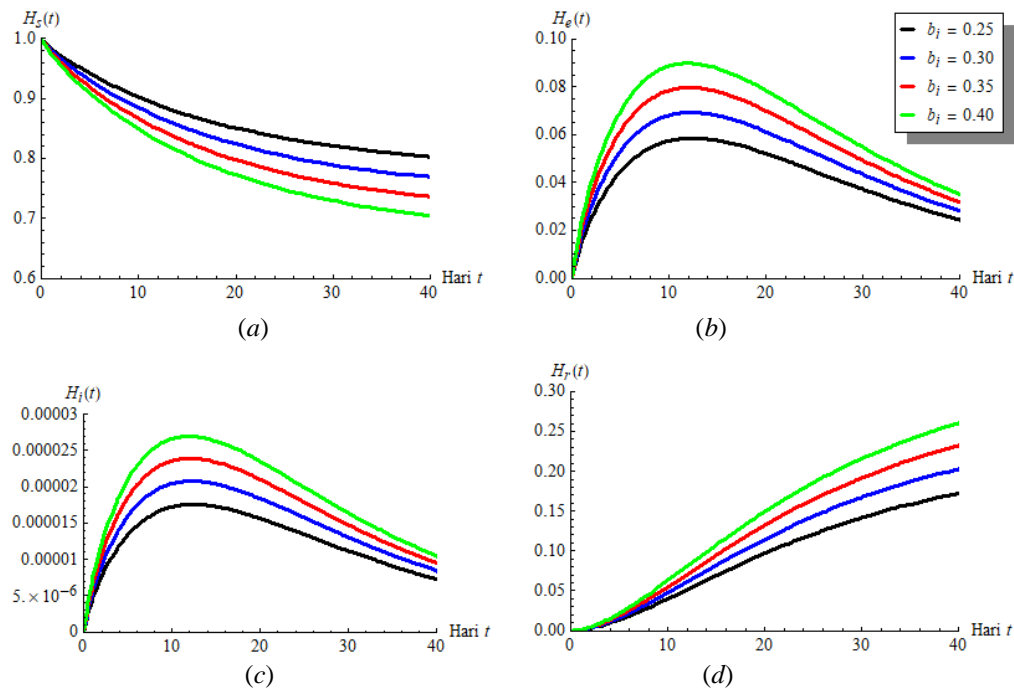
Simulasi numerik dilakukan pada populasi manusia dengan perubahan nilai parameter  $\mu_a$  dan  $b_i$  yang memenuhi kondisi  $\mathfrak{R}_0 < 1$  (Tabel 2).

**Tabel 2** Simulasi untuk Kondisi  $\mathfrak{R}_0 < 1$

Parameter Model		$\mathfrak{R}_0$	Parameter Model		$\mathfrak{R}_0$
$\mu_a = 0,03$	$b_i = 0,30$	0,01	$\mu_a = 0,05$	$b_i = 0,25$	0,00
$\mu_a = 0,05$	$b_i = 0,30$	0,01	$\mu_a = 0,05$	$b_i = 0,30$	0,01
$\mu_a = 0,07$	$b_i = 0,30$	0,00	$\mu_a = 0,05$	$b_i = 0,35$	0,01
$\mu_a = 0,09$	$b_i = 0,30$	0,00	$\mu_a = 0,05$	$b_i = 0,40$	0,01



**Gambar 5.** Dinamika populasi manusia terhadap waktu  $t = 40$  hari pada saat nilai parameter  $\mu_a$  diubah



**Gambar 6.** Dinamika populasi manusia terhadap waktu  $t = 40$  hari pada saat nilai parameter  $b_i$  diubah

Gambar 5(a) – 5(d) menunjukkan perubahan jumlah tiap kompartemen (rentan, terpapar, terinfeksi dan sembuh) ketika nilai laju kematian nyamuk ( $\mu_a$ ) diubah. Jika  $\mu_a$  dinaikan, maka proporsi manusia rentan yang berpindah ke manusia terpapar semakin berkurang. Hal ini disebabkan karena kenaikan laju kematian nyamuk dapat menurunkan jumlah nyamuk terinfeksi.

Akibat perubahan laju kematian nyamuk, perubahan jumlah tiap kompartemen populasi manusia cenderung tidak sama. Maksimum jumlah populasi manusia terpapar (Gambar 5b) terjadi pada hari ke-15 dengan proporsi 7.94% dan laju kematian nyamuk sebesar  $\mu_a = 0,03$ . Pada populasi manusia terinfeksi (Gambar 5c), maksimum terjadi pada hari ke-15 dengan proporsi 0.02% dan laju kematian nyamuk sebesar  $\mu_a = 0,03$ .

Gambar 6(a) – 6(d) menunjukkan perubahan jumlah tiap kompartemen (rentan, terpapar, terinfeksi dan sembuh) ketika terjadi perubahan nilai rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi ( $b_i$ ). Jika nilai tersebut dinaikan, maka proporsi perpindahan manusia rentan ke manusia terpapar semakin bertambah. Peningkatan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi menyebabkan terjadinya peningkatan nilai peluang kontak nyamuk dewasa terinfeksi dengan manusia rentan.

Akibat perubahan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi, perubahan jumlah tiap kompartemen populasi manusia cenderung tidak sama. Maksimum jumlah populasi manusia terpapar (Gambar 6b) terjadi pada hari ke-12 dengan proporsi 8,99% dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi sebesar  $b_i = 0,40$ . Pada populasi manusia terinfeksi (Gambar 6c), maksimum terjadi pada hari ke-12 dengan proporsi 0.02695% dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi sebesar  $b_i = 0,40$ .

## KESIMPULAN

Adanya keadaan endemik di suatu daerah ditunjukkan oleh titik tetap dan kestabilannya pada nilai parameter tertentu. Titik *disease-free equilibrium* (DFE) stabil jika  $\mathfrak{R}_0 < 1$ , sebaliknya tidak stabil jika  $\mathfrak{R}_0 > 1$ . Hasil dinamik untuk tiap populasi manusia (rentan, terpapar, terinfeksi, dan sembuh) dipengaruhi oleh pemilihan nilai  $\mathfrak{R}_0$ . Dalam simulasi numerik, nilai  $\mathfrak{R}_0$  dipengaruhi oleh laju kematian nyamuk  $\mu_a$  dan rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi  $b_i$ . Simulasi dinamika populasi menunjukkan bahwa peningkatan laju kematian nyamuk akan menurunkan jumlah manusia terpapar. Selain itu, peningkatan rata-rata gigitan nyamuk yang terinfeksi akan meningkatkan jumlah manusia terpapar. Perubahan laju kematian nyamuk atau rata-rata gigitan nyamuk terinfeksi, mengakibatkan perubahan jumlah tiap populasi manusia cenderung tidak sama.

## DAFTAR PUSTAKA

- Anonymous. (2022). *Aedes Mosquito Life Cycle*. <https://www.cdc.gov/mosquitoes/about/life-cycles/aedes.html>
- Anonymous. (2023). *Dengue and severe dengue*. <https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>.
- Asih, T.S.N., Kharis, M., Syafa'atullah, M.F., & Isfandari, F. (2021). Temperature influences on dengue hemorrhagic fever mathematical model. *Journal of Physics: Conference Series*, 1918(4), 42-46. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1918/4/042046>.
- Bodson, M. (2020). Explaining the Routh–Hurwitz Criterion: A Tutorial Presentation [Focus on Education]. *IEEE Control Systems Magazine*, 40(1), 45–51. <https://doi.org/10.1109/MCS.2019.2949974>.
- Chamnan, A., & Pongsumpun, P. (2021). Analyze of SEIR Dengue Infectious Transmission Model with Vaccination. *Proceedings of the 7th International Conference on Bioinformatics Research and Applications*, 1–5. <https://doi.org/10.1145/3440067.3440068>.
- de los Reyes, A.A., & Escaner, J.M.L. (2018). Dengue in the Philippines: model and analysis of parameters affecting transmission. *Journal of Biological Dynamics*, 12(1), 894–912. <https://doi.org/10.1080/17513758.2018.1535096>.
- Erguler, K., Smith-Unna, S.E., Waldock, J., Proestos, Y., Christophides, G.K., Lelieveld, J., & Parham, P.E. (2016). Large-Scale Modelling of the Environmentally-Driven Population Dynamics of Temperate *Aedes albopictus* (Skuse). *PLOS ONE*, 11(2), e0149282-. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0149282>.
- Jia, P., Chen, X., Chen, J., Lu, L., Liu, Q., & Tan, X. (2017). How does the dengue vector mosquito *Aedes albopictus* respond to global warming? *Parasites & Vectors*, 10(1), 140. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2071-2>.
- Khan, A., Hassan, M., & Imran, M. (2014). Estimating the basic reproduction number for single-strain dengue fever epidemics. *Infectious Diseases of Poverty*, 3(1), 12. <https://doi.org/10.1186/2049-9957-3-12>.
- Levin, M., Udi, Y., Solomonov, I., & Sagi, I. (2017). Next generation matrix metalloproteinase inhibitors — Novel strategies bring new prospects. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Cell Research*, 1864(11, Part A), 1927–1939. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2017.06.009>.
- Mangobi, J., Sianturi, P., & Ardana, N. (2011). *Model Matematik Demam Berdarah Dengue dengan Nyamuk *Aedes albopictus* sebagai Vektor* [Tesis]. Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor, Bogor.

- Marini, G., Poletti, P., Giacobini, M., Pugliese, A., Merler, S., & Rosà, R. (2016). The Role of Climatic and Density Dependent Factors in Shaping Mosquito Population Dynamics: The Case of *Culex pipiens* in Northwestern Italy. *PLOS ONE*, *11*(4), e0154018. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0154018>.
- Metelmann, S., Caminade, C., Jones, A.E., Medlock, J.M., Baylis, M., & Morse, A.P. (2019). The UK's suitability for *Aedes albopictus* in current and future climates. *Journal of The Royal Society Interface*, *16*(152), 20180761. <https://doi.org/10.1098/rsif.2018.0761>.
- Ndii, M.Z., Anggriani, N., Messakh, J. J., & Djahi, B.S. (2021). Estimating the reproduction number and designing the integrated strategies against dengue. *Results in Physics*, *27*, 104473. <https://doi.org/10.1016/j.rinp.2021.104473>.
- Ndii, M.Z., Hickson, R.I., Allingham, D., & Mercer, G.N. (2015). Modelling the transmission dynamics of dengue in the presence of Wolbachia. *Mathematical Biosciences*, *262*, 157–166. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2014.12.011>.
- Posny, D., & Wang, J. (2014). Computing the basic reproductive numbers for epidemiological models in nonhomogeneous environments. *Applied Mathematics and Computation*, *242*, 473–490. <https://doi.org/10.1016/j.amc.2014.05.079>.
- Saha, P., Sikdar, G.C., & Ghosh, U. (2023). Transmission dynamics and control strategy of single-strain dengue disease. *International Journal of Dynamics and Control*, *11*(3), 1396–1414. <https://doi.org/10.1007/s40435-022-01027-y>.
- Sianturi, P. (2015). Stochastic Epidemic Model of Dengue Fever Spread in West Java Province. *Prosiding Seminar Hasil-Hasil PPM IPB, Vol. I*, 214–228.
- Taghikhani, R., Sharomi, O., & Gumel, A.B. (2020). Dynamics of a two-sex model for the population ecology of dengue mosquitoes in the presence of Wolbachia. *Mathematical Biosciences*, *328*, 108426. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2020.108426>
- Yang, H.M. (2014). The basic reproduction number obtained from Jacobian and next generation matrices – A case study of dengue transmission modelling. *Biosystems*, *126*, 52–75. <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2014.10.002>.