

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada bab ini akan dibahas mengenai konstruksi model SIR-UV yang akan digunakan untuk menganalisis dinamika penyebaran penyakit *dengue*. Analisis kestabilan titik ekuilibrium, estimasi rata-rata laju gigitan nyamuk per minggu yang dipengaruhi variabel iklim, dan simulasi numerik juga akan disajikan.

4.1 Konstruksi Model SIR-UV

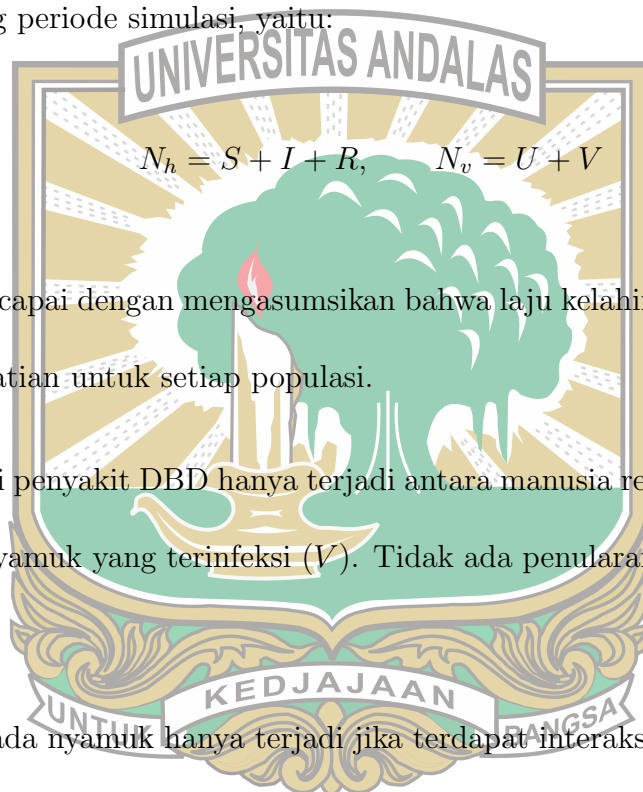
Model penyebaran penyakit DBD SIR-UV memanfaatkan 2 populasi yaitu populasi manusia dan populasi nyamuk. Populasi manusia dibagi menjadi 3 kelompok yaitu kelompok individu rentan (*Susceptible*), kelompok individu terinfeksi (*Infected*), dan kelompok individu sembuh (*Recovered*). Populasi nyamuk dibagi menjadi 2 kelompok yaitu kelompok nyamuk yang rentan (*Susceptible*), dan kelompok individu terinfeksi (*Infectious*).

Model kompartemen SIR-UV dalam penelitian ini dibangun berdasarkan beberapa asumsi sebagai berikut:

1. Populasi manusia dan populasi nyamuk masing-masing dibagi menjadi beberapa kompartemen yang tidak saling tumpang tindih. Model ini membagi populasi menjadi dua kelompok utama, yaitu manusia dan

nyamuk. Populasi manusia terdiri atas tiga kompartemen, yakni S (*Susceptible*), I (*Infected*), dan R (*Recovered*), sedangkan populasi nyamuk terdiri atas dua kompartemen, yaitu U (*Susceptible*) dan V (*Infected*). Setiap individu hanya dapat berada pada satu kompartemen pada satu waktu tertentu.

2. Jumlah total populasi manusia (N_h) dan nyamuk (N_v) dianggap konstan sepanjang periode simulasi, yaitu:



Hal ini dicapai dengan mengasumsikan bahwa laju kelahiran sama dengan laju kematian untuk setiap populasi.

3. Transmisi penyakit DBD hanya terjadi antara manusia rentan (S) melalui gigitan nyamuk yang terinfeksi (V). Tidak ada penularan langsung antar manusia.
4. Infeksi pada nyamuk hanya terjadi jika terdapat interaksi antara nyamuk rentan (U) dengan manusia terinfeksi (I).
5. Individu manusia yang terinfeksi akan berpindah ke kompartemen sembuh (R) dengan laju pemulihan γ_h . Nyamuk yang terinfeksi tidak pulih dan tetap berada dalam kompartemen V sampai mati.
6. Laju kelahiran dan kematian manusia (μ_h) dan nyamuk (μ_v) bersifat konstan. Tidak ada migrasi populasi masuk atau keluar wilayah.

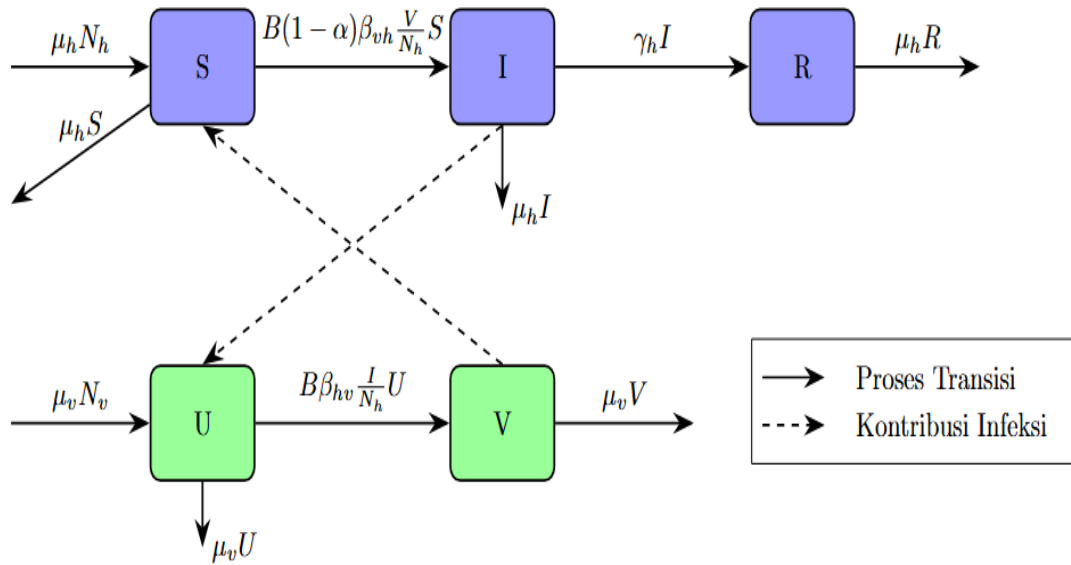
7. Parameter-parameter model seperti rata-rata laju gigitan nyamuk per minggu (B), probabilitas transmisi dari manusia ke nyamuk (β_{hv}), probabilitas transmisi dari nyamuk ke manusia (β_{vh}), serta laju pemulihan (γ_h) diambil dari studi empiris yang relevan dengan dinamika *dengue* di Jakarta.
8. Faktor iklim (suhu, kelembapan relatif, dan curah hujan) tidak secara langsung mengubah jumlah populasi nyamuk atau manusia, tetapi mempengaruhi rata-rata laju gigitan nyamuk per minggu $B(t)$ yang menjadi pengaruh utama penularan penyakit.
9. Model dasar memasukkan pengaruh dari respons perilaku masyarakat terhadap penyebaran penyakit DBD ($B(1 - \alpha)$).

Parameter yang digunakan dalam model penyebaran penyakit DBD ditunjukkan pada tabel berikut:

Tabel 4.1.1: Deskripsi Variabel dan Parameter pada Model SIR-UV

| Variabel | Deskripsi | Satuan |
|--------------|---|----------------------|
| S | Populasi manusia rentan (<i>Susceptible</i>) | individu |
| I | Populasi manusia terinfeksi (<i>Infected</i>) | individu |
| R | Populasi manusia pulih (<i>Recovered</i>) | individu |
| U | Populasi nyamuk rentan (<i>Susceptible</i>) | individu |
| V | Populasi nyamuk terinfeksi (<i>Infected</i>) | individu |
| Parameter | Deskripsi | Satuan |
| N_h | Total populasi manusia | individu |
| N_v | Total populasi nyamuk | individu |
| μ_h | Laju kelahiran/kematian alami manusia | minggu ⁻¹ |
| μ_v | Laju kematian alami nyamuk | minggu ⁻¹ |
| B | Rata-rata laju gigitan (<i>biting rate</i>) | minggu ⁻¹ |
| β_{hv} | Probabilitas penularan dari manusia ke nyamuk | - |
| β_{vh} | Probabilitas penularan dari nyamuk ke manusia | - |
| γ_h | Laju pemulihan manusia terinfeksi | minggu ⁻¹ |
| α | Respons perilaku masyarakat | - |

Berdasarkan beberapa asumsi di atas serta deskripsi variabel dan parameter pada Tabel 4.1.1 maka model SIR-UV penyebaran DBD dapat diilustrasikan melalui bagan kompartemen pada Gambar 4.1.1 di bawah ini.



Gambar 4.1.1: Bagan Kompartemen Model SIR-UV

Gambar 4.1.1 menunjukkan bagan kompartemen model SIR-UV yang menggambarkan dinamika penularan penyakit antara populasi manusia dan populasi vektor (nyamuk). Populasi manusia dibagi menjadi tiga kompartemen berwarna ungu, yaitu *Susceptible* (S), *Infected* (I), dan *Recovered* (R), sedangkan populasi nyamuk dibagi menjadi dua kompartemen berwarna hijau, yaitu *Susceptible* (U) dan *Infected* (V). Pada populasi manusia, individu rentan (S) bertambah melalui kelahiran dengan laju $\mu_h N_h$ dan berkurang karena infeksi serta kematian alami dengan laju $\mu_h S$. Proses infeksi manusia terjadi akibat gigitan nyamuk terinfeksi (V) yang ditandai oleh arah panah putus-putus dengan laju $B(1 - \alpha)\beta_{vh} \frac{V}{N_h} S$, sehingga individu berpindah dari kompartemen S ke I . Individu terinfeksi (I) dapat sembuh

dengan laju γ_h dan berpindah ke kompartemen R , serta mengalami kematian alami dengan laju $\mu_h I$. Individu sembuh (R) juga mengalami kematian alami dengan laju $\mu_h R$.

Pada populasi nyamuk, individu rentan (U) bertambah melalui kelahiran dengan laju $\mu_v N_v$ dan berkurang karena kematian alami dengan laju $\mu_v U$. Nyamuk rentan dapat menjadi terinfeksi akibat menggigit manusia terinfeksi (I) dengan laju $B\beta_{hv}\frac{I}{N_h}U$, sehingga berpindah ke kompartemen V . Nyamuk terinfeksi (V) mengalami kematian alami dengan laju $\mu_v V$. Garis penuh pada bagan menunjukkan proses transisi antar kompartemen, sedangkan garis putus-putus menunjukkan kontribusi infeksi silang antara manusia dan nyamuk yang menjadi mekanisme utama penyebaran penyakit DBD dalam dinamika penularan penyakit pada model ini.

Dengan demikian, diperoleh sistem persamaan diferensial dari model penyebaran penyakit DBD SIR-UV berdasarkan Gambar 4.1.1 adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \mu_h N_h - B(1-\alpha)\beta_{vh}\frac{V}{N_h}S - \mu_h S \\
 \frac{dI}{dt} &= B(1-\alpha)\beta_{vh}\frac{V}{N_h}S - \gamma_h I - \mu_h I \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma_h I - \mu_h R \\
 \frac{dU}{dt} &= \mu_v N_v - B\beta_{hv}\frac{I}{N_h}U - \mu_v U \\
 \frac{dV}{dt} &= B\beta_{hv}\frac{I}{N_h}U - \mu_v V
 \end{aligned} \tag{4.1.1}$$

dengan

$$S(0), U(0) > 0, I(0), R(0), V(0) \geq 0,$$

$$\mu_h, \mu_v, \gamma_h, B, \beta_{vh}, \beta_{hv} > 0, 0 \leq \alpha \leq 1, t \in [0, \infty),$$

dimana $\frac{dS}{dt}$ adalah laju perubahan subpopulasi manusia rentan terhadap waktu, $\frac{dI}{dt}$ adalah laju perubahan subpopulasi manusia yang terinfeksi DBD terhadap waktu, $\frac{dR}{dt}$ adalah laju perubahan subpopulasi manusia yang telah sembuh terhadap waktu, $\frac{dU}{dt}$ adalah laju perubahan subpopulasi nyamuk yang rentan terhadap waktu, dan $\frac{dV}{dt}$ adalah laju perubahan subpopulasi nyamuk yang terinfeksi DBD terhadap waktu.

Parameter α merepresentasikan tingkat respons perilaku masyarakat terhadap penyebaran penyakit DBD, seperti memakai celana dan baju panjang, menggunakan obat nyamuk, serta menjaga kondisi kesehatan melalui pola makan yang baik. Nilai parameter ini berada dalam rentang $0 \leq \alpha \leq 1$, yang menggambarkan tingkat efektivitas respons perilaku dalam mengurangi risiko penularan penyakit. Nilai $\alpha = 0$ menunjukkan bahwa tidak terdapat respons perilaku masyarakat terhadap penyebaran penyakit, sehingga proses penularan berlangsung tanpa adanya upaya pencegahan dari masyarakat. Sebaliknya, nilai $\alpha = 1$ mencerminkan respons perilaku masyarakat yang maksimal, yang berarti berbagai upaya pencegahan dilakukan secara optimal sehingga risiko penularan penyakit dapat ditekan secara signifikan. Dalam model yang dikonstruksi, parameter α berperan sebagai faktor pengurang pada laju penularan penyakit. Dengan demikian, peningkatan respons perilaku masyarakat akan berkontribusi dalam menurunkan tingkat penyebaran penyakit DBD dalam populasi.

Diasumsikan populasi manusia dan nyamuk pada sistem konstan, yaitu ketika laju pertumbuhan manusia dan nyamuk sama dengan nol. Misalkan populasi manusia pada waktu t adalah $N_h(t)$, sehingga $N_h(t) = S(t) + I(t) + R(t)$, maka

$$\begin{aligned}
 \frac{dN_h}{dt} &= \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} \\
 &= \left(\mu_h N_h - (B(1-\alpha))\beta_{vh} \frac{V}{N_h} S - \mu_h S \right) + \left((B(1-\alpha))\beta_{vh} \frac{V}{N_h} S - \gamma_h I - \mu_h I \right) \\
 &\quad + (\gamma_h I - \mu_h R) \\
 &= \mu_h N_h - \mu_h S - \mu_h I - \mu_h R \\
 &= \mu_h N_h - \mu_h (S + I + R) \\
 &= \mu_h N_h - \mu_h N_h \\
 &= 0
 \end{aligned} \tag{4.1.2}$$

Misalkan populasi nyamuk pada waktu t adalah $N_v(t)$, sehingga $N_v(t) = U(t) + V(t)$, maka

$$\begin{aligned}
 \frac{dN_v}{dt} &= \frac{dU}{dt} + \frac{dV}{dt} \\
 &= \left(\mu_v N_v - B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} U - \mu_v U \right) + \left(B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} U - \mu_v V \right) \\
 &= \mu_v N_v - \mu_v U - \mu_v V \\
 &= \mu_v N_v - \mu_v (U + V) \\
 &= \mu_v N_v - \mu_v N_v \\
 &= 0.
 \end{aligned} \tag{4.1.3}$$

Karena berdasarkan persamaan (4.1.2) dan (4.1.3) ditunjukkan bahwa $\frac{dN_h}{dt} = 0$ dan $\frac{dN_v}{dt} = 0$, akibatnya populasi $N_h(t)$ dan $N_v(t)$ konstan.

4.2 Quasi-Steady State Approximation

Diperkirakan bahwa nyamuk memiliki masa hidup sekitar 21 hari, sedangkan manusia memiliki masa hidup sekitar 75 tahun. Dengan demikian, populasi nyamuk dapat mencapai keseimbangan dalam waktu yang lebih singkat daripada populasi manusia. Hal ini menunjukkan bahwa populasi nyamuk memiliki dinamika yang cepat, sementara populasi manusia memiliki dinamika yang lebih lambat. Dengan asumsi ini, dapat disimpulkan bahwa populasi nyamuk kemungkinan besar telah mencapai kondisi kesetimbangan dalam interval waktu simulasi. Oleh karena itu, dapat digunakan QSSA untuk dapat menyederhanakan dinamika sistem dengan mengasumsikan bahwa reaksi yang melibatkan U, V dan individu terinfeksi mencapai kesetimbangan lebih cepat, sehingga dapat diatur turunan waktu dari kompartemen nyamuk menjadi nol.

Dimulai dari model kompartemen untuk nyamuk:

$$\frac{dU}{dt} = \mu_v N_v - B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} U - \mu_v U \quad (4.2.1)$$

$$\frac{dV}{dt} = B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} U - \mu_v V \quad (4.2.2)$$


Terapkan QSSA dengan mengatur $\frac{dU}{dt} = 0$ dan $\frac{dV}{dt} = 0$. Karena $N_v = U + V$:
maka,

$$U = N_v - V \quad (4.2.3)$$

Selanjutnya, dari persamaan $\frac{dV}{dt} = 0$ dan mensubstitusikan persamaan (4.2.3)

ke dalam (4.2.2) dapat ditulis:

$$\frac{dV}{dt} = B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} U - \mu_v V,$$



$$B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} U - \mu_v V = 0$$

$$B\beta_{hv} \frac{I(N_v - V)}{N_h} - \mu_v V = 0$$

$$B\beta_{hv} \frac{IN_v}{N_h} - B\beta_{hv} \frac{IV}{N_h} - \mu_v V = 0$$

$$V \left(B\beta_{hv} \frac{I}{N_h} + \mu_v \right) = B\beta_{hv} \frac{IN_v}{N_h}$$

$$V \left(\frac{B\beta_{hv}I + \mu_v N_h}{N_h} \right) = \frac{B\beta_{hv}IN_v}{N_h}$$

$$V = \frac{\frac{B\beta_{hv}IN_v}{N_h}}{\frac{B\beta_{hv}I + \mu_v N_h}{N_h}}$$

$$V = \frac{B\beta_{hv}IN_v}{B\beta_{hv}I + \mu_v N_h} \quad (4.2.4)$$

Substitusikan persamaan (4.2.4) ke dalam persamaan $\frac{dI}{dt}$ dari sistem (4.1.1):

$$\frac{dI}{dt} = B(1 - \alpha)\beta_{vh} \frac{V}{N_h} S - \gamma_h I - \mu_h I$$

$$\frac{dI}{dt} = B(1 - \alpha)\beta_{vh} \frac{S}{N_h} (V) - (\gamma_h + \mu_h)I$$

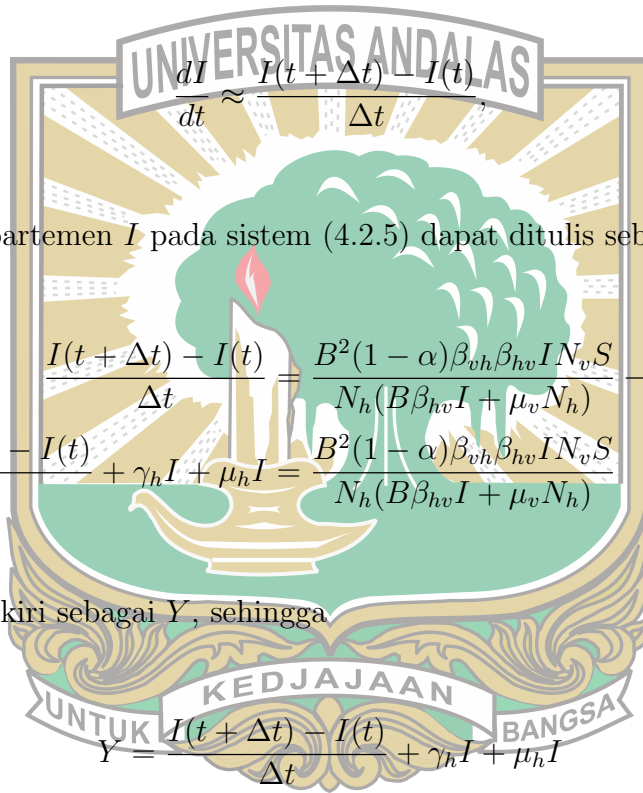
$$\frac{dI}{dt} = B(1 - \alpha)\beta_{vh} \frac{S}{N_h} \left(\frac{B\beta_{hv}IN_v}{B\beta_{hv}I + \mu_v N_h} \right) - (\gamma_h + \mu_h)I$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I$$

sehingga, diperoleh sistem PD yang telah direduksi sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu_h N_h - \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - \mu_h S \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma_h I - \mu_h R\end{aligned}\tag{4.2.5}$$

Akan dicari $B(t)$ dengan aproksimasi beda maju



sehingga, kompartemen I pada sistem (4.2.5) dapat ditulis sebagai

$$\frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} + \gamma_h I + \mu_h I = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)}$$

Misalkan, ruas kiri sebagai Y , sehingga

$$Y = \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} + \gamma_h I + \mu_h I$$

diperoleh,

$$Y = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS}{N_h((B\beta_{hv}I + \mu_v N_h))}\tag{4.2.6}$$

Kemudian dari persamaan (4.2.6) kita dapat turunkan sebagai berikut:

$$Y[N_h((B\beta_{hv}I + \mu_v N_h))] = B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS$$

$$YN_hB\beta_{hv}I + YN_h^2\mu_v = B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS$$

$$(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vSB^2 - YN_h\beta_{hv}IB - YN_h^2\mu_v = 0$$

Akan dicari nilai $B(t)$ dengan akar-akar persamaan kuadrat sebagai berikut:

$$a = (1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS, b = -YN_h\beta_{hv}I, c = -YN_h^2\mu_v, \text{ sehingga,}$$

$$\begin{aligned} B_{1,2} &= \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a} \\ &= \frac{-(-YN_h\beta_{hv}I) \pm \sqrt{(-YN_h\beta_{hv}I)^2 - 4((1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS)(-YN_h^2\mu_v)}}{2((1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS)} \\ B_{1,2} &= \frac{YN_h\beta_{hv}I \pm \sqrt{(YN_h\beta_{hv}I)^2 + 4((1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS)(YN_h^2\mu_v)}}{2((1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS)} \end{aligned}$$

Kita ketahui laju rata-rata gigitan nyamuk tidak mungkin bernilai negatif, maka $B(t)$ diperoleh sebagai berikut:

$$B(t) \approx \frac{YN_h\beta_{hv}I(t) + \sqrt{(YN_h\beta_{hv}I(t))^2 + 4((1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}I(t)N_vS(t))(YN_h^2\mu_v)}}{2((1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}I(t)N_vS(t))}$$

dengan,

$$Y = \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} + \gamma_h I(t) + \mu_h I(t)$$

4.3 Analisis Kestabilan Model

Analisis kestabilan model bertujuan untuk mengkaji perilaku solusi sistem persamaan diferensial dalam jangka panjang di sekitar titik ekuilibrium

yang telah diperoleh. Pada tahap ini, dilakukan linearisasi sistem persamaan diferensial melalui matriks Jacobian dan evaluasi nilai eigen untuk menentukan apakah titik ekuilibrium bersifat stabil asimtotik atau tidak stabil. Hasil dari analisis ini memberikan pemahaman mendalam mengenai dinamika penyebaran penyakit DBD. Berikut ini tahapan dalam analisis kestabilan model dimulai dengan mencari titik ekuilibrium bebas penyakit dan endemik penyakit DBD, serta bilangan reproduksi dasar.

4.3.1 Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit DBD

Berdasarkan Definisi (2.4.1), titik ekuilibrium diperoleh ketika $\frac{dI}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$ yaitu :

$$\begin{aligned} \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I &= 0 \\ \gamma_h I - \mu_h R &= 0 \end{aligned} \quad (4.3.1)$$

Titik ekuilibrium bebas penyakit (E^0) dalam kasus DBD terjadi jika tidak ada individu yang terinfeksi dengan kata lain, $I^0 = 0$. Dengan mensubstitusikan $I^0 = 0$ pada sistem (4.3.1) diperoleh:

$$\begin{aligned} \frac{dR}{dt} &= 0 \\ \gamma_h I - \mu_h R &= 0 \\ \mu_h R &= 0 \\ R &= 0. \end{aligned} \quad (4.3.2)$$

Selanjutnya, dengan mensubstitusikan $I = 0$ ke dalam persamaan $\frac{dS}{dt}$, kita peroleh:

$$\frac{dS}{dt} = \mu_h N_h - 0 - \mu_h S$$

Pada kondisi ekuilibrium $\frac{dS}{dt} = 0$, ini memberikan $\mu_h S = \mu_h N_h$, sehingga $S = N_h$.

Maka, titik ekuilibrium bebas penyakit DBD dari sistem (4.3.1) adalah

$$E^0 = (S^0, I^0, R^0) = (N_h, 0, 0). \quad (4.3.3)$$

4.3.2 Bilangan Reproduksi Dasar

Dalam konteks Demam Berdarah *Dengue* (DBD), bilangan reproduksi dasar \mathcal{R}_0 mencerminkan rata-rata jumlah kasus DBD sekunder pada populasi manusia yang dihasilkan oleh satu individu terinfeksi dalam populasi manusia yang sepenuhnya rentan. Dengan kata lain, \mathcal{R}_0 dapat memberikan gambaran mengenai tingkat efektivitas penyebaran penyakit melalui gigitan nyamuk terinfeksi ke dalam populasi manusia yang rentan.

Selanjutnya, digunakan metode *Next Generation Matrix* (NGM) untuk menghitung nilai \mathcal{R}_0 dari persamaan berikut:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I, \quad (4.3.4)$$

Berdasarkan persamaan (4.3.4), ditentukan matriks \mathbf{F} dan \mathbf{W} , dengan \mathbf{F} menyatakan laju infeksi baru dan \mathbf{W} menyatakan laju transisi lainnya seperti

pemulihan dan kematian.

Selanjutnya, dikarenakan kita menggunakan metode NGM, maka persamaan $\frac{dI}{dt}$ dipisahkan menjadi dua komponen, yaitu laju infeksi baru $\mathcal{F}(I)$ dan laju transisi lainnya $\mathcal{W}(I)$, sehingga diperoleh

$$\frac{dI}{dt} = \mathcal{F}(I) - \mathcal{W}(I),$$

dengan



$$\mathcal{F}(I) = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)},$$

$$\mathcal{W}(I) = (\gamma_h + \mu_h)I.$$

Kemudian, matriks \mathbf{F} dan \mathbf{W} diperoleh dengan menghitung turunan parsial dari \mathcal{F} dan \mathcal{W} terhadap variabel terinfeksi I , kemudian dievaluasi pada titik ekuilibrium bebas penyakit (*Disease-Free Equilibrium*, DFE) $E^0 = (I = 0, S = N_h)$.

Matriks \mathbf{F} merupakan Jacobian dari $\mathcal{F}(I)$ yang dievaluasi pada DFE, yaitu

$$F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}}{\partial I} \right]_{E^0}.$$

Dengan mendefinisikan

$$u = B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v, \quad v = N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h),$$

diperoleh turunan

$$u' = B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SN_v, \quad v' = N_hB\beta_{hv}.$$

Kemudian, dengan menggunakan aturan hasil bagi, diperoleh

$$\frac{\partial \mathcal{F}}{\partial I} = \frac{u'v - uv'}{v^2}.$$

Evaluasi pada titik ekuilibrium bebas penyakit ($I = 0, S = N_h$) menghasilkan

$$\begin{aligned} F &= \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_hN_v \cdot N_h(\mu_vN_h)}{(N_h(\mu_vN_h))^2} \\ &= \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_vN_h}. \end{aligned}$$

Selanjutnya, matriks \mathbf{W} merupakan Jacobian dari $\mathcal{W}(I)$ yang dievaluasi pada DFE, yaitu

$$\mathbf{W} = \left[\frac{\partial \mathcal{W}}{\partial I} \right]_{E^0} = \gamma_h + \mu_h.$$

Dengan demikian, bilangan reproduksi dasar diperoleh sebagai berikut:

$$\mathcal{R}_0 = \mathbf{FW}^{-1} = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_vN_h} \times \frac{1}{\gamma_h + \mu_h},$$

sehingga

$$\mathcal{R}_0 = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_vN_h(\gamma_h + \mu_h)}. \quad (4.3.5)$$

4.3.3 Titik Ekuilibrium Endemik Penyakit DBD

Titik ekuilibrium endemik penyakit DBD terjadi ketika terdapat infeksi dalam populasi, yaitu ketika $I^* > 0$. Pada titik ekuilibrium berlaku

$$\frac{dS}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0.$$

dengan demikian diperoleh sistem persamaan:



$$\begin{aligned} \mu_h N_h - \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_vS}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - \mu_h S &= 0, \quad (i) \\ \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I &= 0, \quad (ii) \\ \gamma_h I - \mu_h R &= 0. \quad (iii) \end{aligned} \quad (4.3.6)$$

Kemudian, dari persamaan ketiga pada sistem (4.3.6) diperoleh

$$\gamma_h I - \mu_h R = 0 \Rightarrow R^* = \frac{\gamma_h I^*}{\mu_h}. \quad (4.3.7)$$

Selanjutnya, karena titik ekuilibrium endemik penyakit DBD mensyaratkan $I^* > 0$, maka persamaan kedua pada sistem (4.3.6) dapat dibagi dengan I^* sehingga diperoleh

$$\frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} = \gamma_h + \mu_h. \quad (4.3.8)$$

Selanjutnya, dari persamaan (4.3.8), nilai S^* dapat dinyatakan dalam bentuk I^* sebagai

$$S^* = \frac{(\gamma_h + \mu_h)N_h(B\beta_{hv}I^* + \mu_v N_h)}{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}. \quad (4.3.9)$$

Dengan menggunakan asumsi populasi konstan dan mensubstitusikan persamaan (4.3.7) ke dalam persamaan (i), maka diperoleh

$$\mu_h N_h - (\gamma_h + \mu_h) I^* - \mu_h S^* = 0. \quad (4.3.10)$$

Substitusi persamaan (4.3.9) ke dalam (4.3.10) menghasilkan

$$\mu_h N_h - (\gamma_h + \mu_h) I^* - \mu_h \left[\frac{(\gamma_h + \mu_h) N_h (B \beta_{hv} I^* + \mu_v N_h)}{B^2 (1 - \alpha) \beta_{vh} \beta_{hv} N_v} \right] = 0. \quad (4.3.11)$$

Kemudian, kita ketahui bilangan reproduksi dasar didefinisikan sebagai

$$\mathcal{R}_0 = \frac{B^2 (1 - \alpha) \beta_{vh} \beta_{hv} N_v}{\mu_v N_h (\gamma_h + \mu_h)}. \quad (4.3.12)$$

Dengan menggunakan definisi \mathcal{R}_0 pada persamaan (4.3.12), maka persamaan (4.3.11) di atas dapat dituliskan menjadi

$$\mu_h N_h - (\gamma_h + \mu_h) I^* - \frac{\mu_h N_h}{\mathcal{R}_0} \left(\frac{B \beta_{hv} I^*}{\mu_v N_h} + 1 \right) = 0,$$

$$\mu_h N_h \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) - (\gamma_h + \mu_h) I^* - \frac{\mu_h B \beta_{hv}}{\mu_v \mathcal{R}_0} I^* = 0.$$

Sehingga diperoleh nilai I^* sebagai berikut:

$$I^* = \frac{\mu_h N_h \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right)}{(\gamma_h + \mu_h) + \frac{\mu_h B \beta_{hv}}{\mu_v \mathcal{R}_0}}. \quad (4.3.13)$$

Titik ekuilibrium endemik penyakit DBD ada jika dan hanya jika $\mathcal{R}_0 > 1$.

Dengan demikian, titik ekuilibrium endemik penyakit DBD diberikan oleh

$$E^* = (S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{(\gamma_h + \mu_h)N_h (B\beta_{hv}I^* + \mu_v N_h)}{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}, \frac{\mu_h N_h \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)}{(\gamma_h + \mu_h) + \frac{\mu_h B\beta_{hv}}{\mu_v \mathcal{R}_0}}, \frac{\gamma_h I^*}{\mu_h} \right). \quad (4.3.14)$$

4.3.4 Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium

4.3.4.1 Kestabilan Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit DBD

Titik ekuilibrium bebas penyakit DBD terjadi jika tidak ada individu yang terinfeksi virus *dengue*, yaitu $I^0 = 0$. Kemudian, kestabilan sistem di sekitar titik ekuilibrium dapat dianalisis dengan melakukan linearisasi sistem menggunakan matriks Jacobian. Model dinamika penyebaran penyakit DBD yang dipertimbangkan diberikan oleh sistem persamaan diferensial berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu_h N_h - \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_v S}{N_h (B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - \mu_h S, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h (B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma_h I - \mu_h R. \end{aligned} \quad (4.3.15)$$

Titik ekuilibrium bebas penyakit (*Disease-Free Equilibrium*, DFE) dari sistem (4.3.15) diberikan oleh

$$E^0 = (S^0, I^0, R^0) = (N_h, 0, 0).$$

Matriks Jacobian sistem (4.3.15) didefinisikan sebagai

$$J(S, I, R) = \begin{bmatrix} \frac{\partial \dot{S}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{S}}{\partial I} & \frac{\partial \dot{S}}{\partial R} \\ \frac{\partial \dot{I}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{I}}{\partial I} & \frac{\partial \dot{I}}{\partial R} \\ \frac{\partial \dot{R}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{R}}{\partial I} & \frac{\partial \dot{R}}{\partial R} \end{bmatrix}.$$

Turunan parsial masing-masing komponen adalah sebagai berikut. Pertama, untuk kompartemen rentan S diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{\partial \dot{S}}{\partial S} &= -\frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - \mu_h, \\ \frac{\partial \dot{S}}{\partial I} &= -\frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SN_v\mu_v}{(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)^2}, \quad \frac{\partial \dot{S}}{\partial R} = 0. \end{aligned}$$

Kedua, kompartemen terinfeksi I diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{\partial \dot{I}}{\partial S} &= \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)}, \\ \frac{\partial \dot{I}}{\partial I} &= \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SN_v\mu_v}{(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)^2} - (\gamma_h + \mu_h), \quad \frac{\partial \dot{I}}{\partial R} = 0. \end{aligned}$$

Ketiga, kompartemen pulih R diperoleh

$$\frac{\partial \dot{R}}{\partial S} = 0, \quad \frac{\partial \dot{R}}{\partial I} = \gamma_h, \quad \frac{\partial \dot{R}}{\partial R} = -\mu_h.$$

Dengan mensubstitusikan $S = N_h$ dan $I = 0$ ke dalam Jacobian, diperoleh matriks Jacobian di titik ekuilibrium bebas penyakit DBD

$$J_{E^0} = \begin{bmatrix} -\mu_h & -\frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_v N_h} & 0 \\ 0 & \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_v N_h} - (\gamma_h + \mu_h) & 0 \\ 0 & \gamma_h & -\mu_h \end{bmatrix}. \quad (4.3.16)$$

Nilai eigen diperoleh dari persamaan karakteristik dengan menyelesaikan persamaan $\det(J_{E^0} - \lambda I) = 0$ sebagai berikut:

dengan



$$\det(J_{E^0} - \lambda I) = 0.$$

$$\begin{vmatrix} -\mu_h - \lambda & a & 0 \\ 0 & b - \lambda & 0 \\ 0 & \gamma_h & -\mu_h - \lambda \end{vmatrix} = 0,$$

$$a = -\frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_v N_h},$$

$$b = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_v N_h} - (\gamma_h + \mu_h)$$

Kemudian, ekspansi determinan menghasilkan

$$\det(J_{E^0} - \lambda I) = (-\mu_h - \lambda) \begin{vmatrix} a - \lambda & 0 \\ \gamma_h & -\mu_h - \lambda \end{vmatrix} - 0 \begin{vmatrix} -a & 0 \\ \gamma_h & -\mu_h - \lambda \end{vmatrix} + 0 \begin{vmatrix} -a & 0 \\ a - \lambda & 0 \end{vmatrix}$$

$$0 = (-\mu_h - \lambda) [(a - \lambda)(-\mu_h - \lambda) - (0)(\gamma_h)]$$

$$0 = (-\mu_h - \lambda)(a - \lambda)(-\mu_h - \lambda)$$

$$0 = (-\mu_h - \lambda)^2(a - \lambda)$$

Sehingga, persamaan karakteristik yang diperoleh adalah

$$(-\mu_h - \lambda)^2(a - \lambda) = 0 \quad (4.3.17)$$

Dengan demikian, dari persamaan (4.3.17) diperoleh nilai eigen:

$$\lambda_{1,2} = -\mu_h, \quad \lambda_3 = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_v N_h} - (\gamma_h + \mu_h).$$

Perhatikan bahwa

$$\mathcal{R}_0 = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}N_v}{\mu_v N_h(\gamma_h + \mu_h)}.$$

Sehingga nilai eigen λ_3 dapat dituliskan sebagai

$$\lambda_3 = (\gamma_h + \mu_h)(\mathcal{R}_0 - 1).$$

Berdasarkan Teorema (2.5.1), titik ekuilibrium bebas penyakit DBD E^0 stabil asimtotik lokal jika $\mathcal{R}_0 < 1$.

4.3.4.2 Kestabilan Titik Ekuilibrium Endemik Penyakit DBD

Titik ekuilibrium endemik penyakit DBD terjadi jika ada individu yang terinfeksi virus *dengue*, dengan kata lain $I^* > 0$. Kestabilan sistem di sekitar titik ekuilibrium dapat dianalisis dengan melakukan linearisasi sistem melalui matriks Jacobian. Model dinamika penyebaran penyakit DBD diberikan oleh:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \mu_h N_h - \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - \mu_h S, \\ \dot{I} &= \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)} - (\gamma_h + \mu_h)I, \\ \dot{R} &= \gamma_h I - \mu_h R.\end{aligned}\tag{4.3.18}$$

Definisikan fungsi insidensi

$$F(S, I) = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SIN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)}.$$

Matriks Jacobian Sistem PD (4.3.18) adalah

$$J(S, I, R) = \begin{bmatrix} \frac{\partial F}{\partial S} - \mu_h & -\frac{\partial F}{\partial I} & 0 \\ \frac{\partial F}{\partial S} & \frac{\partial F}{\partial I} - (\gamma_h + \mu_h) & 0 \\ 0 & \gamma_h & -\mu_h \end{bmatrix}.$$

dengan turunan parsial:

$$\frac{\partial F}{\partial S} = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}IN_v}{N_h(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)}, \quad \frac{\partial F}{\partial I} = \frac{B^2(1-\alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}SN_v\mu_v}{(B\beta_{hv}I + \mu_v N_h)^2}.$$

Evaluasi di titik endemik penyakit DBD menghasilkan

$$J_{E^*} = \begin{bmatrix} -A^* - \mu_h & -B^* & 0 \\ A^* & B^* - (\gamma_h + \mu_h) & 0 \\ 0 & \gamma_h & -\mu_h \end{bmatrix},$$

dengan

$$A^* = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}I^*N_v}{N_h(B\beta_{hv}I^* + \mu_v N_h)},$$

$$B^* = \frac{B^2(1 - \alpha)\beta_{vh}\beta_{hv}S^*N_v\mu_v}{(B\beta_{hv}I^* + \mu_v N_h)^2}.$$

Persamaan karakteristik diperoleh dari $\det(J_{E^*} - \lambda I) = 0$ adalah sebagai berikut:

$$\det \begin{bmatrix} -A^* - \mu_h - \lambda & B^* & 0 \\ A^* & B^* - \gamma_h - \mu_h - \lambda & 0 \\ 0 & \gamma_h & -\mu_h - \lambda \end{bmatrix} = 0$$

Selanjutnya, akan dilakukan ekspansi kofaktor pada kolom ketiga sebagai berikut:

$$0 = (-\mu_h - \lambda) [(-A^* - \mu_h - \lambda)(B^* - \gamma_h - \mu_h - \lambda) - (-B^*)(A^*)]$$

$$0 = (-\mu_h - \lambda) [(-A^* - \mu_h - \lambda)(B^* - \gamma_h - \mu_h - \lambda) + A^*B^*]$$

$$0 = (-\mu_h - \lambda) [-A^*B^* + A^*(\gamma_h + \mu_h + \lambda) - (\mu_h + \lambda)B^* + (\mu_h + \lambda)(\gamma_h + \mu_h + \lambda) + A^*B^*]$$

$$0 = (-\mu_h - \lambda) [(\mu_h + \lambda)^2 + (\mu_h + \lambda)(\gamma_h + A^* - B^*) + A^*\gamma_h]$$

$$0 = -(\mu_h + \lambda) [\lambda^2 + (2\mu_h + \gamma_h + A^* - B^*)\lambda + (\mu_h(\gamma_h + \mu_h) + (\gamma_h + \mu_h)A^* - \mu_h B^*)]$$

Dengan demikian, diperoleh persamaan karakteristik

$$(-\mu_h - \lambda)(\lambda^2 + c_1\lambda + c_0) = 0,$$

dengan

$$c_1 = 2\mu_h + \gamma_h + A^* - B^*,$$

$$c_0 = \mu_h(\gamma_h + B^*) + (\gamma_h + \mu_h)A^* - \mu_h B^*.$$

Sehingga diperoleh polinom karakteristiknya, yaitu:

$$\lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3 \tag{4.3.19}$$

dengan

$$a_1 = A^* - B^* + \gamma_h + 3\mu_h,$$

$$a_2 = A^*(\gamma_h + 2\mu_h) - 2\mu_h B^* + \mu_h\gamma_h + \mu_h^2,$$

$$a_3 = \mu_h [A^*(\gamma_h + \mu_h) + \mu_h(\gamma_h + \mu_h) - \mu_h B^*].$$

Selanjutnya, analisis kestabilan titik ekuilibrium endemik penyakit DBD E^* dilakukan dengan menggunakan kriteria *Routh-Hurwitz*. Kriteria ini menyatakan bahwa semua akar dari polinomial karakteristik memiliki bagian riil negatif jika dan hanya jika determinan dari matriks Hurwitz (\mathbf{H}_k) bernilai positif untuk $k = 1, 2, 3$. Matriks Hurwitz untuk polinomial derajat tiga

(4.3.19) dikonstruksi sebagai berikut:

1. Untuk $k = 1$:

$$H_1 = (a_1), \text{ sehingga } \det(H_1) = a_1$$

2. Untuk $k = 2$:

$$H_2 = \begin{pmatrix} a_1 & a_3 \\ 1 & a_2 \end{pmatrix}, \text{ sehingga } \det(H_2) = a_1 a_2 - a_3$$

3. Untuk $k = 3$:

$$H_3 = \begin{pmatrix} a_1 & a_3 & 0 \\ 1 & a_2 & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{pmatrix}, \text{ sehingga } \det(H_3) = a_3(a_1 a_2 - a_3)$$

Menurut kriteria *Routh-Hurwitz* pada Teorema (2.7.1) dan Teorema (2.5.1), titik ekuilibrium endemik E^* bersifat stabil asimtotik jika dan hanya jika memenuhi kondisi $\det(H_k) > 0$ untuk setiap $k = 1, 2, \dots, n$, yang memberikan syarat:

$$a_1 > 0, \quad a_1 a_2 - a_3 > 0, \quad \text{dan} \quad a_3 > 0,$$

dengan koefisien a_1 , a_2 , dan a_3 pada polinom karakteristik merupakan fungsi dari parameter-parameter model yang diperoleh dari matriks Jacobian di sekitar titik ekuilibrium endemik. Secara umum, ketiga koefisien tersebut merepresentasikan kombinasi berbagai laju dalam sistem, seperti laju penularan penyakit, laju pemulihan individu terinfeksi, serta laju kematian

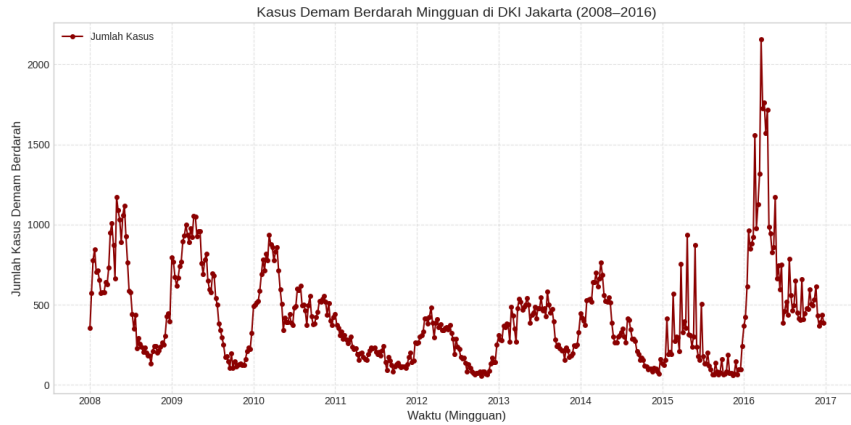
alami populasi. Selain itu, keberadaan titik ekuilibrium endemik ini secara biologis mensyaratkan nilai bilangan reproduksi dasar $\mathcal{R}_0 > 1$.

4.4 Analisis Data

Analisis data ini bertujuan untuk menyajikan dan mengevaluasi karakteristik data empiris yang digunakan sebagai dasar pemodelan dinamika penularan penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) di Provinsi DKI Jakarta. Analisis diawali dengan deskripsi data kasus DBD dan variabel iklim yang relevan, kemudian dilanjutkan dengan tahap prapemrosesan data melalui teknik *smoothing* untuk mereduksi *noise* dan mengekstraksi pola tren utama. Selanjutnya, data yang telah diproses dimanfaatkan untuk mengestimasi parameter kunci model epidemi, khususnya rata-rata laju gigitan nyamuk per minggu, baik melalui pendekatan berbasis model kompartemen maupun *machine learning*. Tahapan analisis ini dirancang untuk memastikan bahwa integrasi antara data empiris dan model matematis dilakukan secara konsisten, sehingga hasil simulasi dan *fitting* yang diperoleh memiliki dasar statistik dan biologis yang kuat.

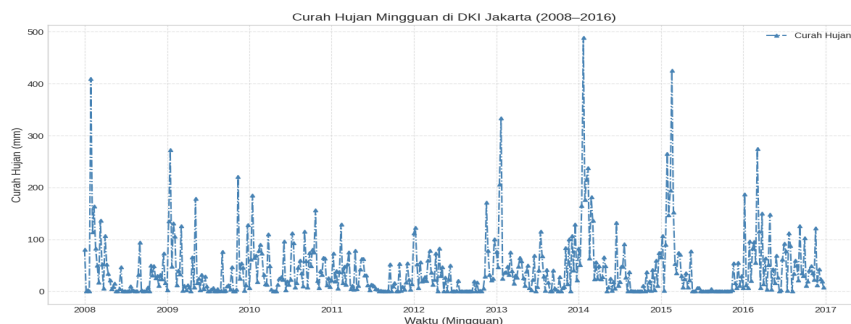
4.4.1 Deskripsi Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini terdiri atas dua kelompok utama, yaitu data kasus Demam Berdarah *Dengue* (DBD) dan data iklim, yang keduanya bersumber dari institusi resmi pemerintah sehingga memiliki tingkat kredibilitas dan reliabilitas yang tinggi.

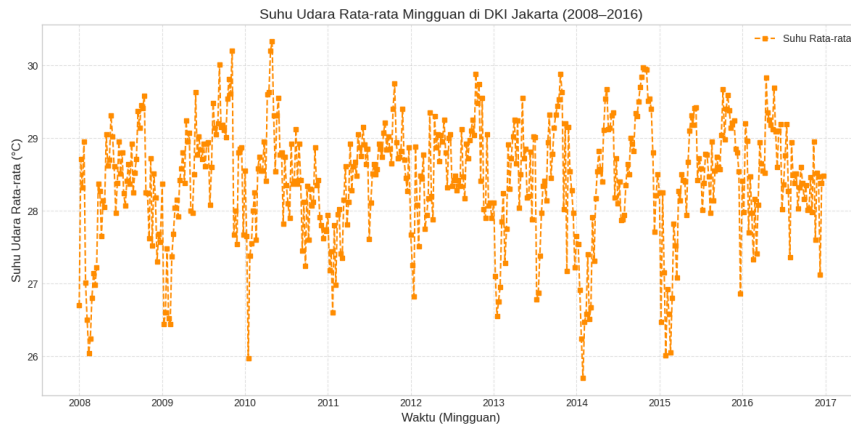


Gambar 4.4.1: Kasus DBD di Provinsi DKI Jakarta Tahun 2008-2016

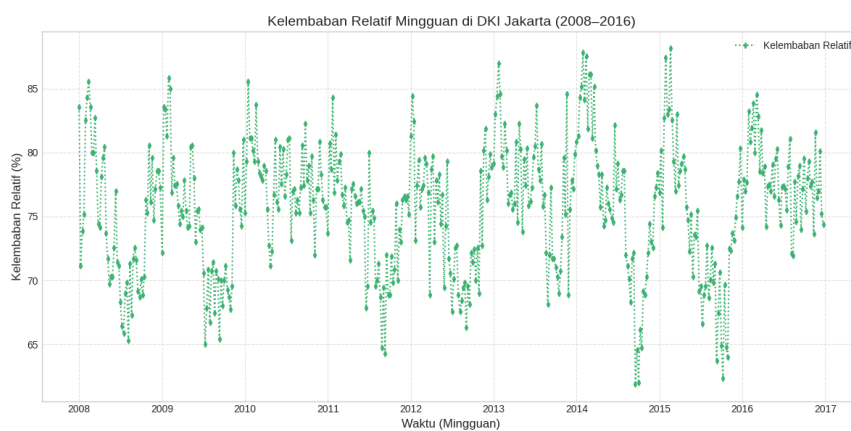
Data kasus DBD diperoleh dari Dinas Kesehatan Provinsi DKI Jakarta, mencakup jumlah kasus DBD yang tercatat secara mingguan pada periode 2008-2016. Data ini merepresentasikan jumlah kasus terlapor berdasarkan sistem surveilans kesehatan, sehingga secara langsung dapat mencerminkan dinamika epidemi DBD di wilayah DKI Jakarta. Namun demikian, perlu dicatat bahwa data kasus DBD bersifat observasional dan dipengaruhi oleh berbagai faktor non-biologis, seperti variasi pada sistem pelaporan, keterlambatan pencatatan, perubahan pada kebijakan surveilans, serta tingkat kesadaran masyarakat dalam mencari layanan kesehatan. Oleh karena itu, data kasus ini berpotensi terdapat fluktuasi tajam dan *noise* yang tidak sepenuhnya mencerminkan dinamika penularan yang sesungguhnya.



Gambar 4.4.2: Data Curah Hujan Provinsi DKI Jakarta 2008–2016



Gambar 4.4.3: Data Suhu Provinsi DKI Jakarta 2008–2016



Gambar 4.4.4: Data Kelembaban Relatif Provinsi DKI Jakarta 2008–2016

Sementara itu, data iklim yang diperoleh dari Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika (BMKG) DKI Jakarta, yang mencakup variabel-variabel iklim utama yang secara teoritis dan empiris berkaitan dengan dinamika vektor DBD, seperti suhu udara, kelembapan relatif, dan curah hujan. Data variabel iklim ini dicatat secara periodik dan kemudian disesuaikan ke dalam skala waktu mingguan agar konsisten dengan resolusi temporal data kasus DBD. Sebagai data hasil pengukuran instrumen meteorologis, data iklim relatif lebih stabil dan memiliki tingkat *noise* yang lebih rendah dibandingkan data epidemi, meskipun tetap dipengaruhi oleh variasi spasial dan kondisi cuaca ekstrem.

Integrasi di antara kedua jenis data ini didasarkan pada asumsi bahwa variabilitas iklim berperan sebagai faktor eksternal yang memengaruhi dinamika populasi nyamuk *Aedes* dan, secara tidak langsung, laju penularan DBD pada manusia. Namun, penting untuk ditekankan bahwa hubungan antara iklim dan kasus DBD bersifat tidak langsung dan dimediasi oleh proses biologis vektor, sehingga tidak dapat diasumsikan sebagai hubungan kausal sederhana satu-kesatu. Oleh karena itu, dalam penelitian ini data iklim tidak akan digunakan secara langsung untuk memprediksi jumlah kasus, melainkan akan dimanfaatkan untuk mengestimasi parameter kunci model epidemi, yaitu rata-rata laju gigitan nyamuk per minggu, $B(t)$.

Dengan menggunakan data kasus DBD sebagai representasi dinamika infeksi manusia dan data iklim sebagai representasi faktor lingkungan, pada penelitian ini berupaya membangun kerangka pemodelan yang menggabungkan informasi empiris dan mekanisme biologis. Pendekatan ini dapat memungkinkan analisis yang lebih komprehensif terhadap dinamika penularan DBD di DKI Jakarta, sekaligus meminimalkan risiko bias yang muncul apabila hanya salah satu jenis data yang digunakan secara terpisah.

4.4.2 *Smoothing Data*

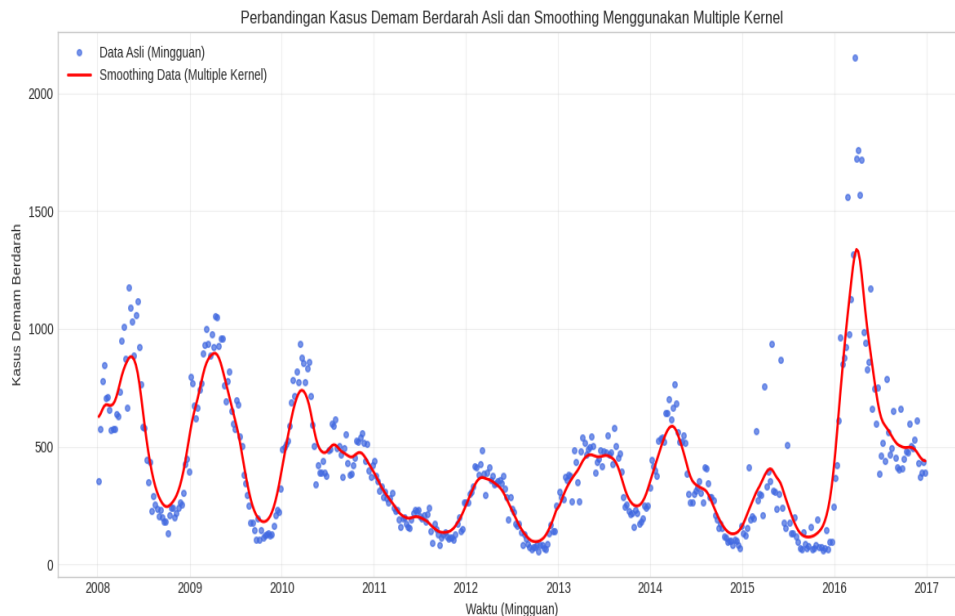
Data jumlah kasus Demam Berdarah *Dengue* (DBD) yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data mingguan yang bersifat fluktuatif dan mengandung *noise* tinggi. Fluktuasi tersebut dapat disebabkan oleh variasi pelaporan, faktor musiman jangka pendek, maupun kejadian luar biasa yang

tidak merepresentasikan tren dasar penyebaran penyakit. Kondisi ini berpotensi menyulitkan analisis dinamika jangka menengah hingga panjang serta dapat mengganggu proses estimasi parameter pada model epidemi yang dikembangkan. Oleh karena itu, dilakukan tahap *smoothing data* untuk mengekstraksi pola tren utama dari data kasus mingguan DBD.

Metode *smoothing* yang akan digunakan dalam penelitian ini adalah *multiple kernel smoothing* berbasis filter Gaussian. Pendekatan ini dilakukan dengan mengombinasikan beberapa filter Gaussian dengan nilai-nilai parameter deviasi standar (σ) yang berbeda. Secara konseptual, filter Gaussian berfungsi sebagai *low-pass filter* yang mereduksi komponen frekuensi tinggi pada data, sehingga variasi ekstrem dan noise dapat ditekan tanpa menghilangkan struktur tren utama secara signifikan.

Misalkan $y(t)$ menyatakan data kasus DBD mingguan. Proses selanjutnya, *smoothing* dilakukan dengan menerapkan beberapa filter Gaussian dengan nilai parameter σ_k yang berbeda, kemudian menggabungkannya secara linier menggunakan bobot tertentu. Dengan demikian, data hasil dari *smoothing* diperoleh sebagai kombinasi tertimbang dari hasil pemulusan pada berbagai skala waktu. Dalam penelitian ini digunakan tiga kernel Gaussian dengan nilai σ masing-masing sebesar 2, 5, dan 10, yang merepresentasikan pemulusan jangka pendek, menengah, dan panjang. Bobot yang digunakan untuk setiap kernel dipilih sedemikian sehingga jumlah bobot sama dengan satu, sehingga hasil *smoothing* tetap berada pada skala yang konsisten dengan data asli.

Pendekatan *multiple kernel* ini dipilih untuk menghindari kelemahan *smoothing* tunggal yang terlalu agresif atau terlalu lemah. Kernel dengan σ kecil mempertahankan variasi lokal, sementara kernel dengan nilai σ besar menekankan tren jangka panjang. Dengan menggabungkan keduanya, diperoleh data hasil *smoothing* yang mampu merepresentasikan pola musiman dan tren penyebaran kasus DBD DKI Jakarta secara lebih stabil tanpa mengabaikan karakteristik dinamika temporal yang penting. Hasil dari proses *smoothing* dapat dilihat pada Gambar 4.4.5 di bawah ini.

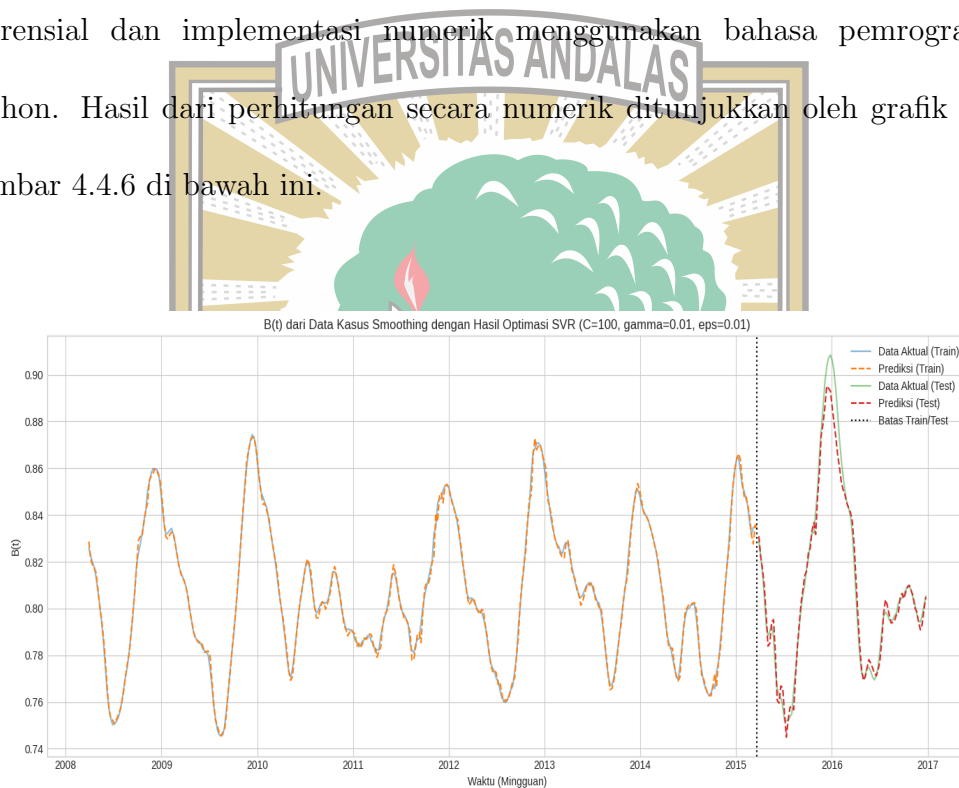


Gambar 4.4.5: *Smoothing* Data DBD Provinsi DKI Jakarta 2008-2016 dengan *Multiple Kernel*

Hasil *smoothing* yang telah dilakukan menunjukkan bahwa jumlah titik data sebelum dan sesudah proses *smoothing* tetap sama, sehingga tidak terjadi kehilangan informasi temporal. Data hasil *smoothing* kemudian akan digunakan sebagai representasi tren kasus DBD dalam analisis lanjutan, khususnya untuk keperluan pemodelan epidemi dan integrasi dengan variabel iklim.

4.4.3 Analisis Estimasi Rata-Rata Laju Gigitan Nyamuk per Minggu Berdasarkan Model SIR-UV

Proses estimasi nilai rata-rata laju gigitan nyamuk per minggu $B(t)$ dilakukan melalui integrasi antara model kompartemen epidemiologi dan data empiris kasus Demam Berdarah *Dengue* (DBD) di DKI Jakarta. Penentuan nilai ini melibatkan penurunan solusi analitik dari sistem persamaan diferensial dan implementasi numerik menggunakan bahasa pemrograman Python. Hasil dari perhitungan secara numerik ditunjukkan oleh grafik pada Gambar 4.4.6 di bawah ini.



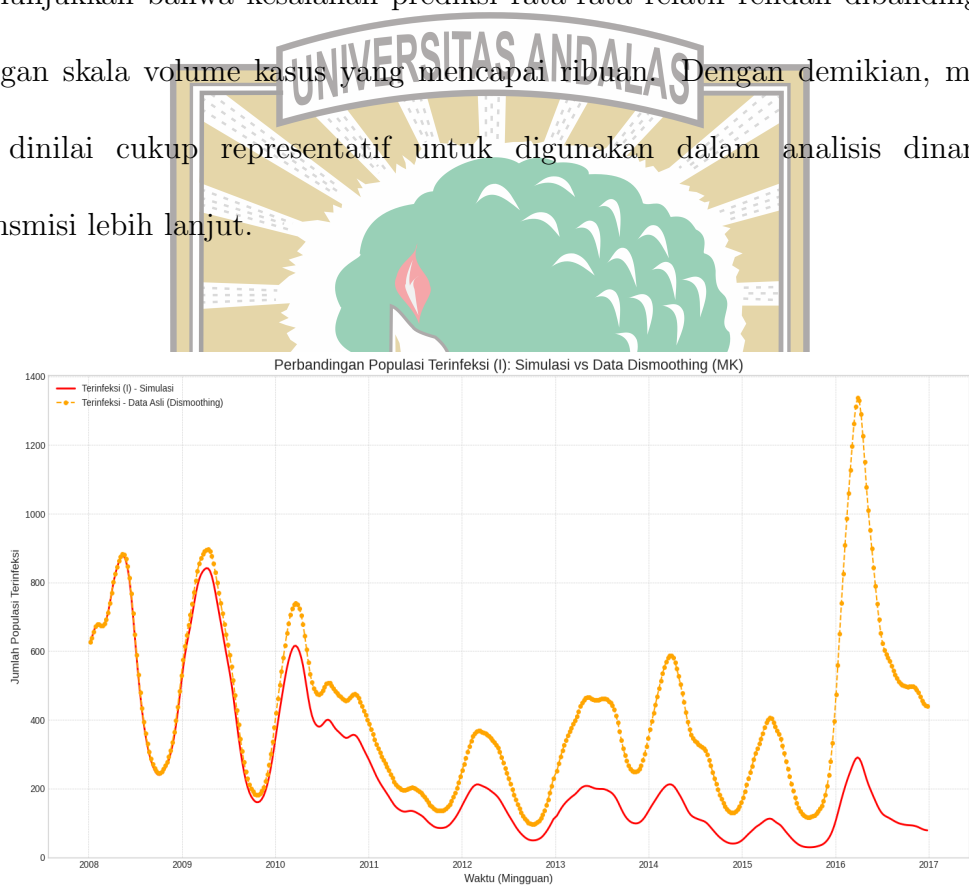
Gambar 4.4.6: Estimasi Nilai $B(t)$

4.4.4 *Fitting Data*

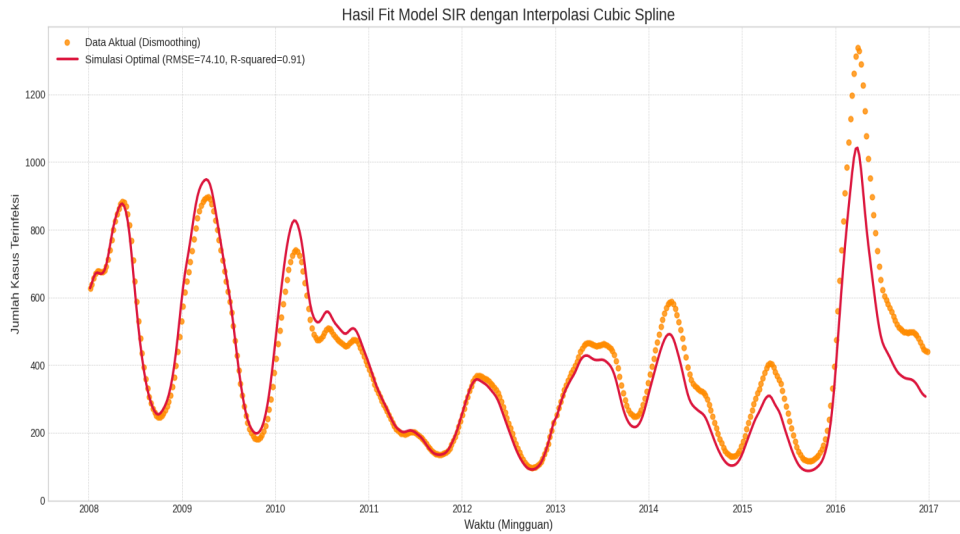
Berdasarkan hasil simulasi, grafik pada Gambar 4.4.8 menunjukkan tingkat akurasi yang sangat tinggi dalam mencocokkan model SIR terhadap data riil jumlah populasi terinfeksi DBD di DKI Jakarta periode 2008–2016.

Melalui pendekatan interpolasi *Cubic Spline*, model mampu mengikuti fluktuasi musiman yang kompleks dan menangkap tren data asli (hasil *smoothing*) dengan sangat presisi. Hal ini dibuktikan oleh nilai koefisien determinasi (R^2) sebesar 0,9053.

Meskipun terdapat deviasi kecil pada puncak epidemi tertinggi di awal tahun 2016, nilai *Root Mean Square Error* (RMSE) sebesar 74,31 menunjukkan bahwa kesalahan prediksi rata-rata relatif rendah dibandingkan dengan skala volume kasus yang mencapai ribuan. Dengan demikian, model ini dinilai cukup representatif untuk digunakan dalam analisis dinamika transmisi lebih lanjut.



Gambar 4.4.7: *Fitting* Data Tanpa Interpolasi



Gambar 4.4.8: *Fitting* Data Dengan Interpolasi Cubic Spline

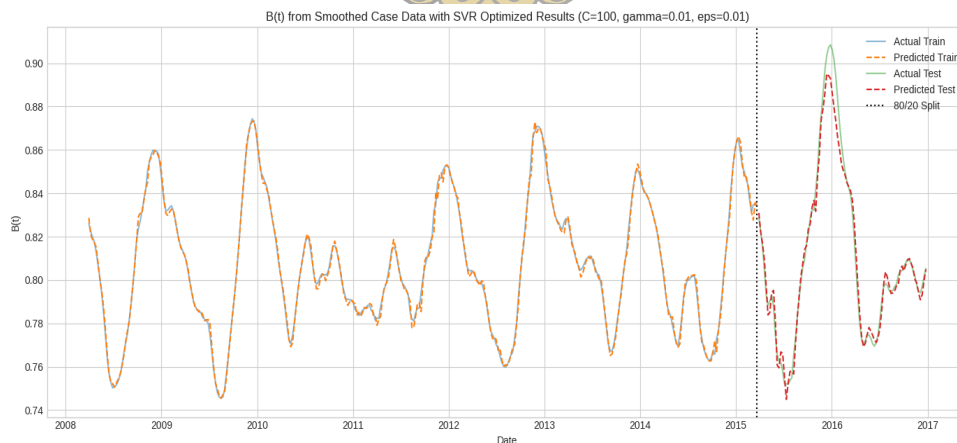
Berdasarkan Gambar 4.4.7 dan 4.4.8, terlihat perbedaan pola yang cukup signifikan antara proses *fitting* data tanpa interpolasi dan dengan interpolasi *cubic spline*. Pada Gambar 4.4.7 (tanpa interpolasi), data kasus terinfeksi yang digunakan masih menunjukkan fluktuasi tajam dan ketidakteraturan lokal, terutama pada bagian puncak dan lembah kurva, sehingga hasil simulasi model SIR cenderung hanya mengikuti tren umum tanpa mampu merepresentasikan dinamika musiman secara konsisten. Hal ini menyebabkan adanya deviasi yang cukup besar antara kurva simulasi dan data asli pada beberapa interval waktu, khususnya saat terjadi lonjakan kasus yang bersifat ekstrem.

Sebaliknya, pada Gambar 4.4.8, data kasus yang telah di *smoothing* membentuk pola yang lebih kontinu dan mulus, sehingga struktur musiman dan siklus epidemi menjadi lebih jelas. Kondisi ini memungkinkan model SIR menyesuaikan diri secara lebih stabil terhadap data aktual, ditunjukkan oleh kesesuaian yang lebih baik antara hasil simulasi dan data terinterpolasi, baik

pada fase peningkatan maupun penurunan kasus. Secara keseluruhan, hasil yang diperoleh dari interpolasi *cubic spline* berperan dalam mereduksi noise pada data empiris tanpa menghilangkan pola utama dinamika penyakit DBD, sehingga menghasilkan proses *fitting* data yang lebih akurat dan representatif terhadap perilaku sistem epidemiologis yang dimodelkan.

4.4.5 Estimasi Nilai Rata-Rata Laju Gigitan Nyamuk per Minggu yang Dipengaruhi Variabel Iklim Menggunakan *Machine Learning* SVR

Penerapan model *Machine Learning* dengan algoritma *Support Vector Regression* (SVR) menunjukkan performa prediksi yang sangat baik dalam memetakan dinamika rata-rata laju gigitan nyamuk $B(t)$ berdasarkan variabel iklim di DKI Jakarta. Model ini mencapai nilai R^2 sebesar 0,995 pada fase pelatihan dan 0,975 pada fase pengujian, yang mengindikasikan bahwa variasi nilai $B(t)$ dapat dijelaskan hampir sepenuhnya oleh variabel-variabel iklim yang digunakan.

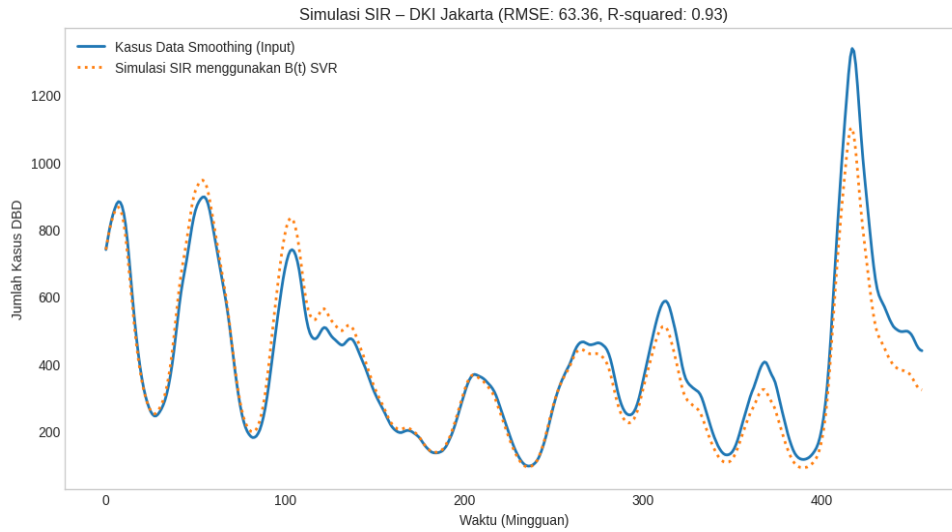


Gambar 4.4.9: Estimasi Nilai $B(t)$ dengan SVR

Tingkat kesalahan yang sangat rendah, dengan nilai RMSE sebesar 0,006 pada data uji, menunjukkan bahwa optimasi parameter model ($C = 100$, $\gamma = 0,01$) mampu menangkap pola nonlinier dari interaksi variabel-variabel iklim terhadap aktivitas vektor secara akurat. Oleh karena itu, model ini dinilai andal untuk digunakan dalam sistem peringatan dini berbasis iklim. Hasil yang diperoleh ditunjukkan pada grafik Gambar 4.4.9.

4.4.6 *Fitting* Data Kasus DBD Berdasarkan Estimasi Nilai Rata-Rata Laju Gigitan Nyamuk per Minggu yang Dipengaruhi Variabel Iklim

Penerapan model simulasi SIR yang diintegrasikan dengan nilai laju gigitan nyamuk $B(t)$ hasil prediksi SVR menunjukkan performa *fitting* data yang sangat akurat dalam merekonstruksi dinamika kasus DBD di DKI Jakarta. Pada Gambar 4.4.10, kurva berwarna biru merepresentasikan data kasus DBD hasil *smoothing* yang digunakan sebagai data acuan (*input*), sedangkan kurva berwarna oranye putus-putus menunjukkan hasil simulasi model SIR dengan $B(t)$ yang diprediksi menggunakan algoritma SVR. Integrasi antara kedua model kompartemen epidemiologi dan algoritma *machine learning* SVR berbasis variabel iklim ini berhasil menangkap pola fluktuasi musiman dengan presisi tinggi, yang ditunjukkan oleh nilai dari koefisien determinasi (R^2) sebesar 0,9308 serta penurunan nilai *Root Mean Square Error* (RMSE) menjadi 63,36.



Gambar 4.4.10: Kasus DBD dengan $B(t)$ dari SVR

Grafik pada Gambar 4.4.10 memperlihatkan bahwa variabilitas iklim memiliki kontribusi signifikan dalam memprediksi nilai $B(t)$. Hal ini dapat dilihat dari hasil simulasi mampu merepresentasikan tren data riil yang telah melalui proses *smoothing* secara konsisten, termasuk pada fase puncak epidemi. Dengan demikian, pendekatan ini memiliki potensi besar sebagai instrumen prediksi risiko penularan DBD di masa mendatang.

4.5 Simulasi Numerik Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

DBD

Titik ekuilibrium bebas penyakit DBD terjadi ketika tidak ada individu yang terjangkit virus *dengue*, yaitu $I = 0$. Perhatikan Tabel 4.5.1 yang terdiri dari nilai-nilai parameter yang digunakan untuk Model SIR-UV (4.2.5).

Tabel 4.5.1: Nilai Parameter pada Model SIR-UV

| Parameter | Nilai | Sumber |
|--------------|--|---|
| N_h | 9.057.993 | [45] |
| N_v | $2N_h$ | [45] |
| μ_h | $\frac{1}{75 \times 52} \approx 2.5641 \times 10^{-4}$ | [1] |
| μ_v | 0.7 | [1] |
| B | 0.807444 | Hasil Perhitungan Berdasarkan Data Kasus DBD dan Iklim Provinsi DKI Jakarta Menggunakan SVR |
| β_{hv} | 0.5 | [1] |
| β_{vh} | 0.75 | [1] |
| γ_h | 0.7 | [1] |
| α | 0.2; 0.4; 0.6; 0.8 | Asumsi |
| $S(0)$ | $N_h - 355$ | [43] |
| $I(0)$ | 355 | [43] |
| $R(0)$ | 248.5 | [45] |

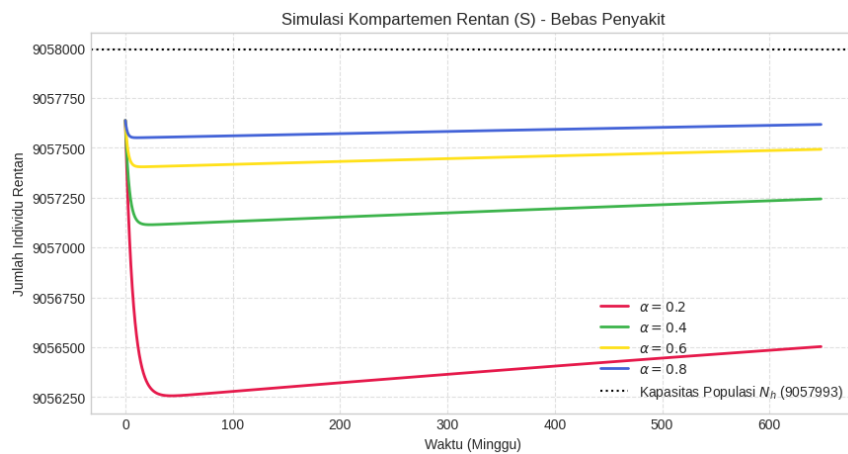
Berdasarkan persamaan (4.3.3) diperoleh titik equilibrium bebas penyakit DBD dan \mathcal{R}_0 , yaitu

$$E^0 = (9.057.993, 0, 0)$$

Karena diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 < 1$ untuk setiap nilai α dan parameter pada Tabel 4.5.1, maka sistem (4.2.5) stabil asimtotik. Grafik solusi untuk sistem (4.2.5) ditunjukkan pada grafik di bawah ini untuk setiap kompartemen berdasarkan nilai α .

Tabel 4.5.2: Hasil Perhitungan Nilai \mathcal{R}_0 Berdasarkan Variasi α

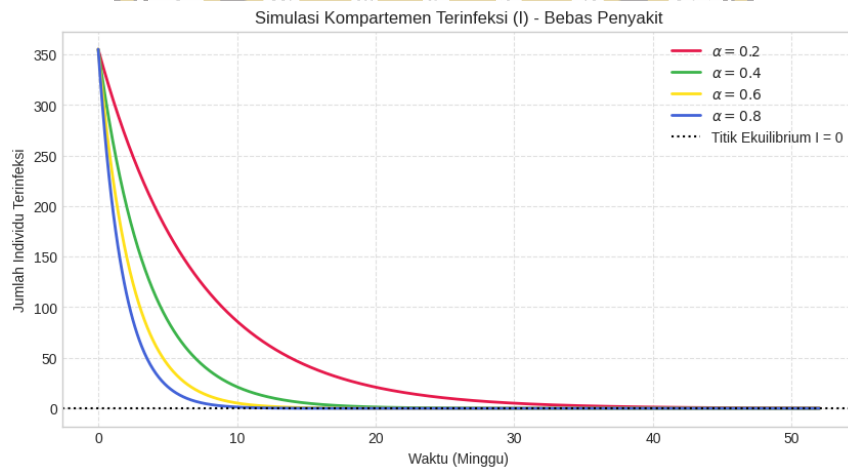
| Nilai α | \mathcal{R}_0 |
|----------------|-----------------|
| $\alpha = 0.2$ | 0.5588 |
| $\alpha = 0.4$ | 0.4191 |
| $\alpha = 0.6$ | 0.2794 |
| $\alpha = 0.8$ | 0.1397 |



Gambar 4.5.1: Grafik Solusi Model Bebas Penyakit DBD untuk Kompartemen S

Grafik yang ditampilkan pada Gambar 4.5.1 menunjukkan dinamika jumlah subpopulasi individu rentan (S) pada kondisi bebas penyakit DBD untuk berbagai nilai α yang merepresentasikan tingkat respons perilaku masyarakat terhadap pencegahan DBD, yaitu semakin besar dari nilai α maka semakin efektif perilaku pencegahan yang dilakukan sehingga semakin banyak individu yang tetap berada dalam kompartemen rentan. Untuk $\alpha = 0,2$ (garis merah) terlihat penurunan jumlah subpopulasi S paling signifikan pada awal waktu yang menunjukkan rendahnya kesadaran masyarakat dalam melakukan tindakan pencegahan. Sementara itu, pada $\alpha = 0,4$ (garis hijau) penurunan awal masih terjadi namun tidak terlalu signifikan seperti kondisi kasus sebelumnya yang

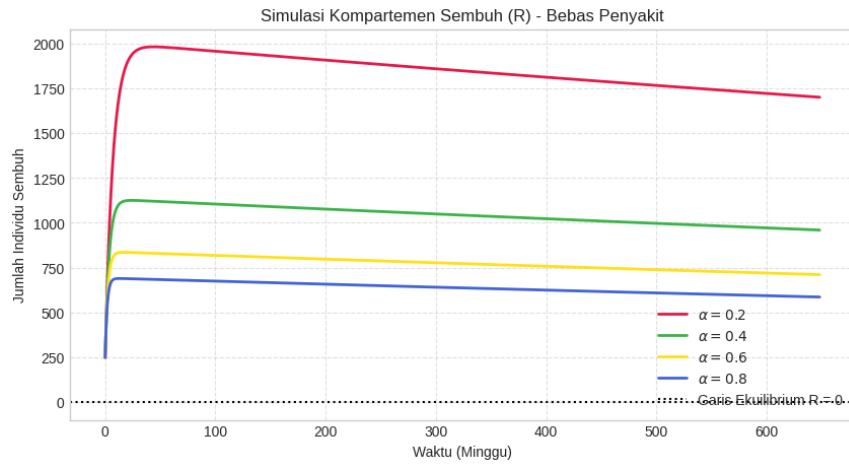
mengindikasikan adanya perbaikan pada perilaku masyarakat meskipun belum optimal. Selanjutnya pada $\alpha = 0,6$ (garis kuning) dan $\alpha = 0,8$ (garis biru), nilai S relatif stabil dan semakin mendekati total populasi N_h , yang merupakan titik ekuilibrium bebas penyakit, sehingga menunjukkan bahwa dalam jangka panjang sistem cenderung konvergen menuju keadaan kesetimbangan dengan seluruh populasi berada pada kompartemen rentan akibat tidak adanya individu terinfeksi, serta sistem menjadi lebih stabil dan memiliki risiko yang lebih kecil terhadap terjadinya wabah apabila muncul kasus DBD dalam jumlah kecil.



Gambar 4.5.2: Grafik Solusi Model Bebas Penyakit DBD untuk Kompartemen I

Grafik kompartemen terinfeksi (I) pada Gambar 4.5.2 menunjukkan bahwa peningkatan tingkat kepedulian masyarakat (α) berkontribusi langsung pada percepatan hilangnya penyakit dari populasi. Pada nilai $\alpha = 0,8$ (kurva biru), jumlah individu terinfeksi menurun drastis dan mencapai titik ekuilibrium bebas penyakit DBD $I = 0$ dalam waktu kurang dari 10 minggu. Sebaliknya, pada tingkat kepedulian rendah $\alpha = 0,2$ (kurva merah), proses penurunan kasus berlangsung jauh lebih lambat karena laju rata-rata gigitan nyamuk per minggu yang masih cukup tinggi, sehingga penyakit bertahan lebih lama di dalam sistem

sebelum akhirnya menuju titik nol.



Gambar 4.5.3: Grafik Solusi Model Bebas Penyakit DBD untuk Kompartemen R

Sementara itu, grafik kompartemen sembuh (R) pada Gambar 4.5.3 menggambarkan akumulasi individu yang pulih, dengan tingkat kepedulian yang lebih rendah ($\alpha = 0,2$) mengakibatkan lonjakan jumlah individu yang terinfeksi di kompartemen sembuh yang jauh lebih besar dibandingkan skenario lainnya. Hal ini menunjukkan bahwa rendahnya respons perilaku masyarakat menyebabkan lebih banyak orang jatuh sakit di fase awal pandemi. Meskipun semua skenario pada akhirnya mengarah pada titik ekuilibrium $R = 0$, proses ini memakan waktu yang sangat lama, yakni lebih dari 600 minggu, karena dipengaruhi oleh laju kematian alami manusia (μ_h) yang nilainya sangat kecil, yaitu $2,5641 \times 10^{-4}$.

Secara keseluruhan pada Gambar 4.5.1., 4.5.2., dan 4.5.3 di atas dapat diamati bahwa jumlah subpopulasi setiap kompartemen mengalami penurunan dengan meningkatnya tingkat respons perilaku masyarakat. Kemudian, jumlah subpopulasi rentan terinfeksi DBD bertambah seiring menuju titik ekuilibrium bebas penyakit DBD, yaitu $S^0 = 9.057.993$. Kondisi yang berbanding terbalik

terjadi pada subpopulasi rentan terhadap penyakit DBD dan telah pulih dari penyakit DBD yang mencapai titik ekuilibrium $I^0 = R^0 = 0$. Maka, dari kondisi bebas penyakit DBD dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit DBD stabil asimtotik jika $\mathcal{R}_0 < 1$.

4.6 Simulasi Numerik Titik Ekuilibrium Endemik Penyakit DBD

Berdasarkan nilai parameter yang kita peroleh pada Tabel 4.5.1 akan selalu menghasilkan nilai $\mathcal{R}_0 < 1$ yang mana berdasarkan jenis nilai \mathcal{R}_0 pada bilangan reproduksi dasar akan mengakibatkan kestabilan sistem selalu menuju titik ekuilibrium bebas penyakit DBD. Sehingga, pada kasus data penelitian ini tidak akan pernah terjadi endemi penyakit DBD. Dengan demikian, dimisalkan $B = 2$ untuk melihat kestabilan sistem menuju titik ekuilibrium endemik penyakit. Pertama akan ditunjukkan untuk nilai respons perilaku masyarakat $\alpha = 0,2$ yang menghasilkan nilai $\mathcal{R}_0 \approx 4,8962 > 1$, sistem menuju titik ekuilibrium endemik $E^* = (S^*, I^*, B^*)$. Verifikasi kestabilan asimtotik lokal dilakukan menggunakan kriteria *Routh-Hurwitz* sebagai berikut:

1. Kriteria i ($a_1 > 0$)

Koefisien a_1 didefinisikan sebagai:

$$a_1 = A^* - B^* + \gamma_h + 3\mu_h$$

Untuk $\alpha = 0,2$ dengan $A^* \approx 0,001053$, $B^* \approx 0,000215$, $\gamma_h = 0,7$, dan $\mu_h = 2,5641 \times 10^{-4}$ menghasilkan:

$$a_1 = (0,001053) - (0,000215) + 0,7 + 3(0,00025641)$$

$$a_1 = 0,000838 + 0,7 + 0,00076923$$

$$a_1 = 0,70160723$$

Karena $a_1 > 0$, maka kriteria i terpenuhi.

2. Kriteria ii ($a_3 > 0$)

Koefisien konstanta a_3 adalah sebagai berikut:

$$a_3 = \mu_h [A^*(\gamma_h + \mu_h) + \mu_h(\gamma_h + \mu_h) - \mu_h B^*]$$

Substitusi nilai parameter untuk $\alpha = 0,2$ menghasilkan:

$$a_3 = (2,5641 \times 10^{-4}) \left[(0,001053)(0,70025641) + (0,00025641)(0,70025641) - (0,00025641)(0,000215) \right]$$

$$a_3 = 2,3523 \times 10^{-7}$$

Karena $a_3 > 0$, maka kriteria ii terpenuhi.

3. Kriteria iii ($a_1 a_2 - a_3 > 0$)

Terlebih dahulu dihitung nilai koefisien a_2 :

$$a_2 = A^*(\gamma_h + 2\mu_h) - 2\mu_h B^* + \mu_h \gamma_h + \mu_h^2$$

Untuk $\alpha = 0,2$, diperoleh $a_2 \approx 0,00091764$. Pengujian kriteria iii:

$$a_1 a_2 - a_3 = (0,70160723)(0,00091764) - 2,3523 \times 10^{-7}$$

$$a_1 a_2 - a_3 \approx 0,00064359$$

Karena $a_1 a_2 - a_3 > 0$, maka kriteria iii terpenuhi.

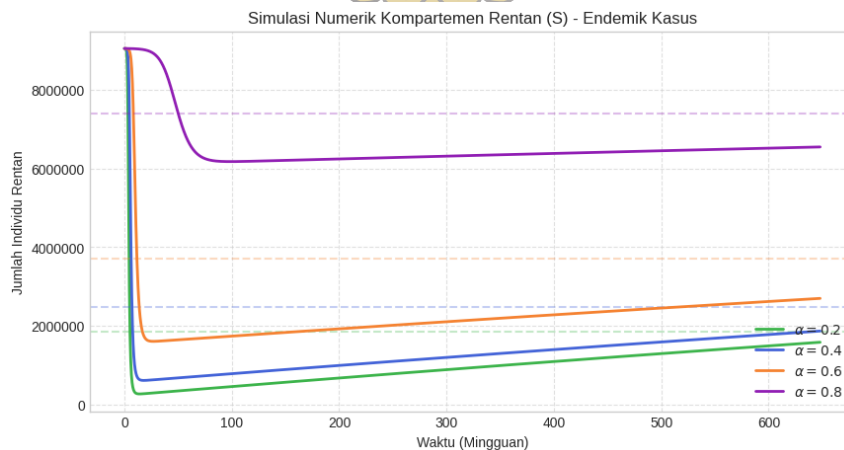
Tabel 4.6.1: Ringkasan Kriteria *Routh-Hurwitz* untuk Berbagai Nilai α dengan $B = 2$

| α | \mathcal{R}_0 | a_1 | a_3 | $a_1 a_2$ | a_3 | Status Kestabilan |
|----------|-----------------|--------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| 0,2 | 4,8962 | 0,7016 | $2,35 \times 10^{-7}$ | $6,43 \times 10^{-4}$ | $2,35 \times 10^{-7}$ | Stabil Asimtotik (E^*) |
| 0,4 | 3,6721 | 0,7014 | $1,92 \times 10^{-7}$ | $5,35 \times 10^{-4}$ | $1,92 \times 10^{-7}$ | Stabil Asimtotik (E^*) |
| 0,6 | 2,4481 | 0,7012 | $1,34 \times 10^{-7}$ | $3,92 \times 10^{-4}$ | $1,34 \times 10^{-7}$ | Stabil Asimtotik (E^*) |
| 0,8 | 1,2240 | 0,7009 | $3,91 \times 10^{-8}$ | $1,55 \times 10^{-4}$ | $3,91 \times 10^{-8}$ | Stabil Asimtotik (E^*) |

Tabel 4.6.2: Nilai Titik Ekuilibrium Endemik Penyakit DBD ($B = 2$)

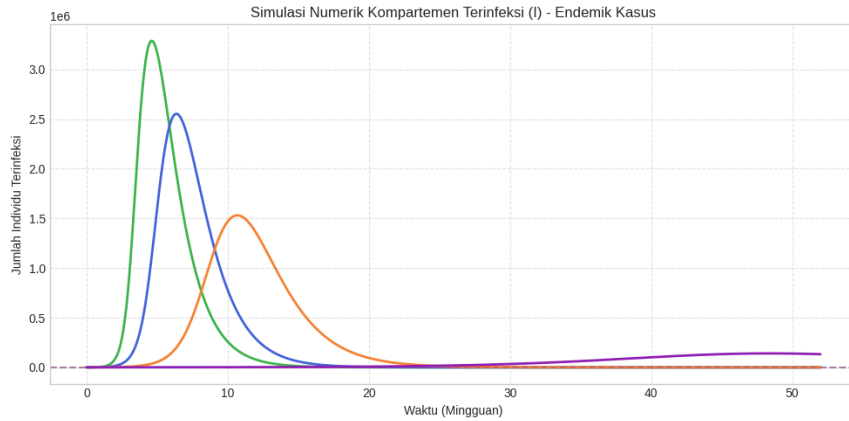
| α | \mathcal{R}_0 | S^* | I^* | R^* |
|----------|-----------------|----------------|------------|----------------|
| 0,2 | 4,8962 | 1.850.787,6521 | 2.639,0353 | 7.204.566,3126 |
| 0,4 | 3,6721 | 2.467.629,0003 | 2.413,1688 | 6.587.950,8309 |
| 0,6 | 2,4481 | 3.701.179,9212 | 1.961,4841 | 5.354.851,5947 |
| 0,8 | 1,2240 | 7.400.778,8172 | 606,8159 | 1.656.607,3669 |

Grafik solusi untuk sistem (4.2.5) ditunjukkan pada grafik di bawah ini untuk setiap kompartemen berdasarkan nilai α .



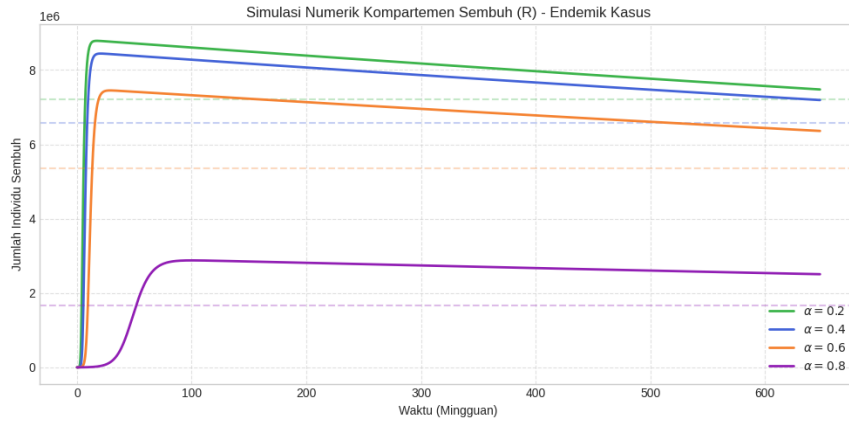
Gambar 4.6.1: Grafik Solusi Model Endemik Penyakit DBD untuk Kompartemen S

Berdasarkan Gambar 4.6.1, terlihat bahwa variasi nilai parameter α memberikan pengaruh signifikan terhadap dinamika kompartemen rentan (S) pada kondisi endemik penyakit. Untuk $\alpha = 0,2$ (kurva hijau), solusi numerik menunjukkan bahwa $S(t)$ menurun tajam dan kemudian konvergen menuju titik ekuilibrium endemik $S^* = 1.850.787,6521$, dengan nilai bilangan reproduksi dasar yang relatif besar $\mathcal{R}_0 = 4,8962$, yang mengindikasikan transmisi penyakit yang kuat sehingga jumlah individu terinfeksi pada keadaan tunak masih tinggi ($I^* = 2.639,0353$). Pada $\alpha = 0,4$ (kurva biru), peningkatan nilai α menyebabkan solusi $S(t)$ menuju titik ekuilibrium yang lebih tinggi, yaitu $S^* = 2.467.629,0003$, seiring dengan penurunan nilai \mathcal{R}_0 menjadi 3,6721 dan berkurangnya jumlah individu yang terinfeksi pada keadaan endemik ($I^* = 2.413,1688$). Selanjutnya, untuk nilai $\alpha = 0,6$ (kurva oranye), dinamika $S(t)$ menunjukkan konvergensi menuju kesetimbangan $S^* = 3.701.179,9212$, dengan $\mathcal{R}_0 = 2,4481$, yang mencerminkan efektivitas respons perilaku masyarakat yang semakin kuat dan penurunan signifikan pada tingkat infeksi endemik ($I^* = 1.961,4841$). Sementara itu, pada $\alpha = 0,8$ (kurva ungu), solusi numerik menunjukkan bahwa $S(t)$ menuju titik ekuilibrium tertinggi, yaitu $S^* = 7.400.778,8172$, dengan nilai \mathcal{R}_0 yang mendekati satu ($\mathcal{R}_0 = 1,2240$), sehingga jumlah individu terinfeksi pada keadaan endemik menjadi sangat kecil ($I^* = 606,8159$). Secara keseluruhan, hasil ini menunjukkan bahwa peningkatan nilai α tidak hanya meningkatkan nilai S^* , tetapi juga mempercepat stabilisasi sistem menuju titik ekuilibrium endemik dengan tingkat infeksi yang semakin rendah.



Gambar 4.6.2: Grafik Solusi Model Endemik Penyakit DBD untuk Kompartemen I

Grafik pada Gambar 4.6.2 menunjukkan bahwa variasi nilai α , yang merepresentasikan tingkat respons peduli masyarakat, berkorelasi negatif terhadap penyebaran penyakit DBD dengan peningkatan nilai α secara efektif menurunkan angka reproduksi dasar (\mathcal{R}_0). Kurva berwarna hijau ($\alpha = 0,2$) merepresentasikan skenario dengan respons terendah yang menghasilkan $\mathcal{R}_0 = 4,8962$, memicu lonjakan infeksi kasus tertinggi hingga melebihi 3 juta jiwa pada puncaknya dan memiliki titik ekuilibrium endemik (I^*) tertinggi sebesar 2.639,0353 individu. Kurva warna biru ($\alpha = 0,4$) dan kurva oranye ($\alpha = 0,6$) menunjukkan penurunan puncak pandemi secara bertahap serta pergeseran titik setimbang ke arah yang lebih rendah seiring dengan berkurangnya nilai \mathcal{R}_0 menjadi masing-masing 3,6721 dan 2,4481. Sementara itu, kurva ungu ($\alpha = 0,8$) merepresentasikan tingkat kepedulian tertinggi dengan nilai $\mathcal{R}_0 = 1,2240$, yang menunjukkan stabilitas subpopulasi rentan paling optimal mendekati jumlah populasi total serta jumlah individu terinfeksi pada kondisi setimbang (I^*) terendah sebesar 606,8159 jiwa.



Gambar 4.6.3: Grafik Solusi Model Endemik Penyakit DBD untuk Kompartemen R

Pada Gambar 4.6.1., 4.6.2., dan 4.6.3 dapat dilihat bahwa jumlah subpopulasi rentan terinfeksi DBD, terinfeksi DBD dan pulih dari DBD akan menuju ke nilai titik ekuilibrium penyebaran penyakit DBD yang ditunjukkan pada Tabel 4.6.2 dengan variasi nilai α , yang mengakibatkan titik ekuilibrium pada penyebaran penyakit DBD stabil asimtotik jika $\mathcal{R}_0 > 1$ dan i, ii, iii terpenuhi.

