

Simulasi numerik pengendalian endemik demam berdarah dengue di Kabupaten Minahasa menggunakan pendekatan model SIR-A

Christari Lois Palit, Virginia Sarah Kaparang*, Samuel Jason Bisuan, Suci Cahnia Laode, Gerald Sunantepar Pakala, Harly Marsel Karamoy

Program Studi Pendidikan Matematika, FMIPAK, Universitas Negeri Manado

23504050@unima.ac.id

Diterima: 02-06-2026; Direvisi: 20-06-2026; Dipublikasi: 22-06-2026

Abstract

Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) persists as a critical threat to public health sectors within tropical ecosystems, including Indonesia. This study evaluates the epidemiological fluctuations of Dengue virus transmission in Minahasa Regency by formulating a SIR-A compartmental mathematical model, focusing on the contribution of strengthened clinical interventions to patient recovery rates. The developed dynamic framework incorporates interactions between human cohorts (susceptible, infected, and recovered phases) and an aquatic pre-adult vector group (mosquito larvae/pupae). The investigative procedure involves constructing a system of nonlinear ordinary differential equations, followed by establishing equilibrium states, calculating the basic reproduction number (R_0) threshold, and executing computational simulations via Wolfram Mathematica. Computational outputs demonstrate that an escalation in mosquito larvae density correlates positively with accelerated disease transmission rates. Conversely, optimizing clinical control by increasing the recovery parameter significantly reduces the active infected cohort and drives the system's trajectory toward a stable disease-free equilibrium state. These insights indicate that accelerating patient care effectiveness and upgrading healthcare infrastructure are crucial policy instruments for suppressing DHF endemic risks in Minahasa Regency.

Keywords: Dengue Hemorrhagic Fever; SIR-A model; computational simulation; clinical intervention; Wolfram Mathematica

Abstrak

Demam Berdarah Dengue (DBD) tetap menjadi ancaman serius bagi sektor kesehatan masyarakat pada wilayah tropis, termasuk di Indonesia. Studi ini bertujuan untuk mengevaluasi fluktuasi epidemiologis penularan virus Dengue di Kabupaten Minahasa melalui formulasi model matematika kompartemen tipe SIR - A, dengan menitikberatkan analisis pada kontribusi penguatan intervensi medis terhadap parameter laju kesembuhan pasien. Konstruksi model dinamis yang dibangun melibatkan interaksi kelompok manusia (fase rentan, terinfeksi, dan pulih) serta kelompok vektor pra-dewasa (jentik/pupa nyamuk). Prosedur investigasi dilakukan lewat penyusunan sistem persamaan diferensial nonlinier yang dilanjutkan dengan penentuan titik ekuilibrium, perhitungan ambang batas bilangan reproduksi dasar (R_0), serta eksekusi simulasi numerik berbasis perangkat lunak Wolfram Mathematica. Luaran komputasional membuktikan bahwa eskalasi kuantitas jentik nyamuk berkorelasi positif terhadap peningkatan laju transmisi penyakit.

Sebaliknya, optimalisasi intervensi klinis yang diwujudkan melalui peningkatan laju pemulihan terbukti mampu mereduksi jumlah individu sakit secara signifikan sekaligus mempercepat trajektori sistem berkonvergensi menuju kondisi kesetimbangan stabil bebas penyakit. Temuan ini mengindikasikan bahwa akselerasi efektivitas manajemen perawatan pasien dan mutu layanan kesehatan merupakan instrumen kebijakan yang krusial untuk menekan risiko endemik DBD di Kabupaten Minahasa.

Kata Kunci: Demam Berdarah Dengue; Model $SIR - A$; Simulasi Komputasional; Intervensi Medis; Wolfram Mathematica

1. PENDAHULUAN

Demam Berdarah Dengue (DBD) masih menjadi masalah kesehatan masyarakat di berbagai negara tropis, termasuk Indonesia. Penyakit ini disebabkan oleh virus Dengue yang ditularkan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus*. Kejadian DBD cenderung meningkat pada wilayah berpenduduk padat dengan kondisi sanitasi yang kurang baik serta lingkungan yang mendukung perkembangan vektor. Jika tidak ditangani secara tepat, infeksi DBD dapat menyebabkan komplikasi serius hingga kematian, sehingga upaya pencegahan dan pengendaliannya menjadi prioritas penting dalam bidang kesehatan masyarakat.

Di tingkat daerah, Kabupaten Minahasa menjadi salah satu wilayah di Sulawesi Utara yang konsisten menghadapi fluktuasi kasus DBD setiap tahunnya. Berdasarkan studi epidemiologi yang dilakukan oleh Sumampouw (2020), Kabupaten Minahasa sempat mengalami lonjakan kasus yang cukup signifikan pada rentang tahun 2016–2018. Tingginya intensitas curah hujan dan kelembapan udara di wilayah ini mempercepat penggenangan air di berbagai media penampungan terbuka, yang kemudian menjadi tempat berkembang biak ideal bagi jentik nyamuk. Selain faktor lingkungan, kendala di lapangan seperti keterlambatan diagnosis dini serta manajemen perawatan pasien yang kurang optimal di fasilitas kesehatan turut memperparah rantai penularan di masyarakat. Fenomena ini menunjukkan bahwa penanggulangan DBD di Minahasa tidak bisa hanya bertumpu pada pengasapan (*fogging*), melainkan harus menyentuh aspek percepatan pemulihan klinis pasien.

Untuk memahami dinamika interaksi yang kompleks ini, pemodelan matematika sering kali digunakan sebagai alat bantu analisis. Sejak model kompartemen SIR pertama kali diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick (1927), pendekatan ini terus berkembang untuk memprediksi tren penyakit infeksi. Beberapa peneliti terdahulu telah memodifikasi model ini untuk kasus DBD. Model SIR standar mampu memetakan interaksi manusia (rentan, terinfeksi, sembuh) secara sederhana, namun mengabaikan peran nyamuk sebagai vektor utama. Selanjutnya, model SEIR dikembangkan dengan menambahkan fase inkubasi (*exposed*) agar lebih realistis (Brauer et al., 2019), tetapi model ini membutuhkan parameter yang sangat banyak sehingga sulit diaplikasikan

pada skala daerah dengan keterbatasan data. Di sisi lain, riset terbaru dari Ndi et al. (2022) serta Aldila et al. (2023) membuktikan bahwa memasukkan fase hidup awal vektor (seperti jentik) ke dalam model kompartemen justru memberikan estimasi yang jauh lebih akurat untuk memprediksi ledakan kasus di wilayah tropis. Esteva dan Vargas (1998) juga sempat mengintegrasikan populasi nyamuk dewasa ke dalam model mereka. Sayangnya, sebagian besar literatur tersebut masih berasumsi bahwa laju kesembuhan pasien bersifat konstan dan belum mengeksplorasi bagaimana pengaruh nyata dari intervensi medis atau perbaikan fasilitas kesehatan di rumah sakit terhadap penurunan status endemik suatu wilayah.

Penelitian ini hadir untuk mengisi celah (*research gap*) tersebut dengan mengembangkan model matematika tipe $SIR - A$ (Susceptible, Infected, Recovered, Aquatic). Kebaruan (*novelty*) dari penelitian ini terletak pada integrasi dua aspek krusial secara simultan, yaitu fase akuatik nyamuk (jentik/pupa) yang laju pertumbuhannya dikontrol langsung oleh fluktuasi indeks curah hujan, serta penguatan parameter laju kesembuhan γ sebagai representasi dari intervensi klinis di rumah sakit. Analisis dilakukan secara komprehensif mulai dari penentuan titik kesetimbangan sistem, perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0), hingga pengujian skenario intervensi lewat simulasi numerik menggunakan perangkat lunak Wolfram Mathematica. Melalui pendekatan $SIR - A$ ini, kontribusi efektivitas layanan medis dalam menekan jumlah individu sakit dapat diukur secara kuantitatif. Hasil studi ini diharapkan dapat memberikan rekomendasi berbasis data (*evidence-based policy*) bagi Dinas Kesehatan Kabupaten Minahasa dalam memutus rantai penularan DBD secara sistematis

2. METODE PENELITIAN

Pendekatan kuantitatif melalui formulasi matematika epidemi dipilih sebagai kerangka metodologi dalam artikel ini. Artikel ini memanfaatkan arsitektur model $SIR - A$ (*Susceptible-Infected-Recovered-Aquatic*) guna memetakan perilaku penyebaran penyakit DBD di wilayah Kabupaten Minahasa. Sistem persamaan yang dibangun berfokus pada hubungan timbal balik antara populasi manusia dengan kluster jentik serta pupa nyamuk, yang diasumsikan bertindak sebagai parameter penggerak bagi eskalasi laju transmisi.

Studi Literatur

Tahap elaborasi awal dalam studi ini berfokus pada pengumpulan dan analisis kritis terhadap publikasi ilmiah mengenai patologi DBD serta prinsip dasar matematika epidemi. Pustaka acuan yang dianalisis secara selektif mencakup artikel jurnal, buku referensi, dan manuskrip penelitian terdahulu yang mengkaji perluasan model SIR, variasi model SEIR, serta model transmisi berbasis dinamika populasi vektor (Ndi, 2018; Sari et al., 2024; Yusuf & Handayani, 2025). Evaluasi literatur ini dilakukan untuk

memperkuat kesahihan parameter teoretis dan justifikasi variabel yang digunakan dalam membangun model kompartemen baru.

Selain itu, dilakukan kajian terhadap penelitian epidemiologi DBD di Kabupaten Minahasa sebagai dasar dalam menentukan asumsi biologis dan parameter simulasi yang digunakan dalam penelitian.

Pembentukan Model Matematika

Penyusunan model epidemiologi matematika Demam Berdarah Dengue (DBD) dilakukan dengan pendekatan kompartemen $SIR - A$ untuk menggambarkan interaksi antara populasi manusia dan vektor penyakit. Populasi manusia dibagi menjadi tiga kompartemen, yaitu:

- 1) Populasi rentan (*Susceptible*) dinyatakan dengan $S(t)$,
- 2) Populasi terinfeksi (*Infected*) dinyatakan dengan $I(t)$,
- 3) Populasi sembuh (*Recovered*) dinyatakan dengan $R(t)$.

Selain itu, ditambahkan variabel populasi jentik/pupa nyamuk yang dinyatakan dengan $A(t)$. Populasi jentik dipengaruhi oleh faktor curah hujan yang memengaruhi pertumbuhan nyamuk. Model dibangun berdasarkan diagram kompartemen dan asumsi biologis yang telah ditentukan. Dalam merumuskan sistem persamaan diferensial untuk model $SIR - A$, ditetapkan beberapa asumsi biologis dan demografis secara mendetail agar model tetap realistis namun cukup sederhana untuk dianalisis. Asumsi-asumsi tersebut adalah sebagai berikut:

- **Total Populasi Manusia Konstan (N):** Jumlah populasi manusia di dalam sistem diasumsikan tidak berubah selama masa pengamatan ($N = S + I + R$). Hal ini didasarkan pada kondisi di mana laju kelahiran alami dianggap setara dengan laju kematian alami manusia (μ), serta mengabaikan adanya faktor migrasi penduduk keluar atau masuk wilayah Kabupaten Minahasa.
- **Pencampuran Homogen (*Homogeneous Mixing*):** Interaksi antar-individu di dalam populasi manusia terjadi secara acak dan merata. Artinya, setiap orang memiliki peluang atau probabilitas yang sama untuk berinteraksi dengan individu lain maupun terpapar oleh gigitan vektor nyamuk tanpa memandang batasan geografis atau kelompok sosial tertentu.
- **Laju Transmisi Dinamis Berbasis Vektor:** Laju penularan penyakit tidak dianggap konstan, melainkan berubah secara dinamis mengikuti fluktuasi populasi jentik atau pupa nyamuk $A(t)$. Hubungan ini diwakili oleh fungsi nonlinear $\beta(A) = \beta_0(1 + \epsilon A(t))$, di mana keberadaan jentik memperbesar peluang transmisi virus Dengue ke manusia.
- **Imunitas Permanen setelah Sembuh:** Individu terinfeksi (I) yang berhasil melewati masa sakit akan berpindah ke kompartemen sembuh (R) lewat laju pemulihan γ . Kelompok yang berada di kompartemen R diasumsikan memiliki

kekebalan tubuh total (permanen) terhadap serotipe virus tersebut, sehingga mereka tidak bisa kembali menjadi rentan S .

- **Pertumbuhan Logistik Vektor Pra-Dewasa:** Dinamika populasi jentik/pupa nyamuk (A) mengikuti model pertumbuhan logistik yang dibatasi oleh kapasitas dukung lingkungan (K). Pertumbuhan ini distimulasi secara langsung oleh faktor eksternal berupa indeks curah hujan $H(t)$ yang menciptakan genangan air sebagai tempat perindukan nyamuk.

Selanjutnya, hubungan antar kompartemen direpresentasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinier.

Analisis Model

Tahap berikutnya adalah melakukan analisis matematis terhadap model yang telah dibentuk. Analisis model meliputi:

- 1) Penentuan titik kesetimbangan bebas penyakit,
- 2) Penentuan bilangan reproduksi dasar (R_0)
- 3) Analisis kestabilan sistem.

Bilangan reproduksi dasar digunakan untuk menentukan kondisi penyebaran penyakit dalam populasi. Jika ($R_0 < 1$), maka penyakit cenderung menghilang dari populasi, sedangkan jika ($R_0 > 1$), maka penyakit berpotensi menjadi endemik.

Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan untuk melihat dinamika penyebaran penyakit berdasarkan model $SIR - A$ yang telah dibentuk. Simulasi dijalankan menggunakan perangkat lunak *Wolfram Mathematica* dengan metode numerik Runge-Kutta yang tersedia pada fungsi *NDSolve*.

Estimasi nilai parameter untuk simulasi ini didasarkan pada penelusuran literatur teoretis serta asumsi biologis yang kontekstual dengan karakteristik transmisi DBD di Kabupaten Minahasa. Guna mengevaluasi sensitivitas dan dampak perubahan parameter tersebut terhadap perilaku penyebaran wabah, komputasi dijalankan melalui beberapa variasi skenario.

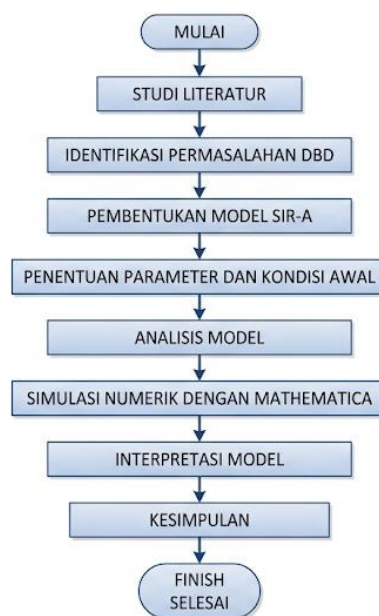
Pada penelitian ini, parameter yang menjadi fokus utama adalah laju pemulihan penderita (γ) yang merepresentasikan penguatan intervensi klinis. Simulasi dilakukan dengan membandingkan beberapa nilai parameter (γ) untuk melihat pengaruhnya terhadap jumlah populasi terinfeksi. Hasil simulasi ditampilkan dalam bentuk grafik dinamika populasi sehingga perubahan jumlah individu rentan, terinfeksi, sembuh, dan populasi jentik/pupa dapat dianalisis.

Interpretasi Hasil

Tahap akhir penelitian dilakukan dengan menginterpretasikan hasil analisis model dan simulasi numerik. Interpretasi dilakukan untuk melihat pengaruh populasi jentik/pupa dan penguatan intervensi klinis terhadap dinamika penyebaran penyakit DBD.

Hasil penelitian digunakan untuk memberikan gambaran mengenai efektivitas peningkatan laju pemulihan penderita dalam menurunkan jumlah individu terinfeksi. Selain itu, interpretasi hasil juga dilakukan untuk mengetahui pengaruh faktor lingkungan terhadap peningkatan laju transmisi penyakit di Kabupaten Minahasa.

Diagram Alur Penelitian

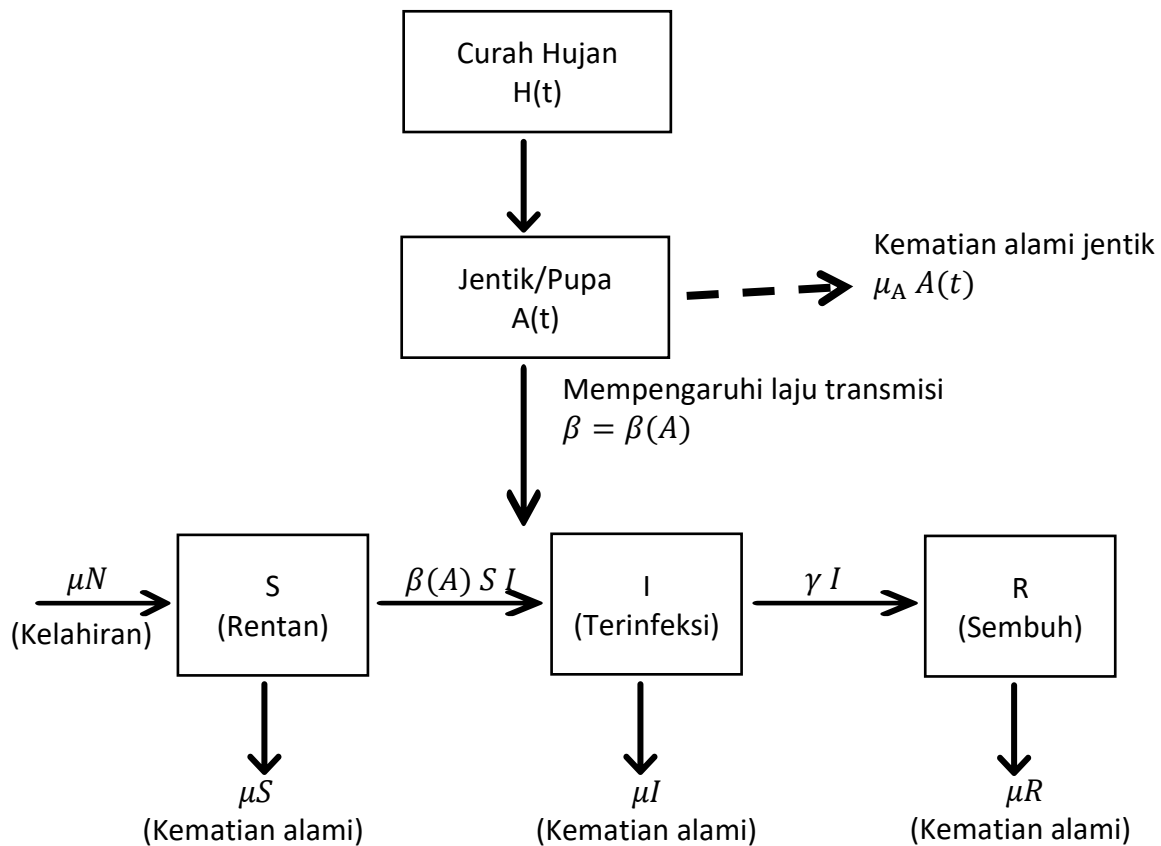


Gambar 1. Diagram Alur Penelitian

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Model Matematika

Analisis penyebaran Demam Berdarah Dengue (DBD) dalam penelitian ini diestimasi melalui modifikasi model epidemi $SIR - A$, yang mengintegrasikan keberadaan populasi jentik atau pupa nyamuk sebagai faktor penentu laju transmisi. Pada model ini, dinamika populasi manusia diklasifikasikan ke dalam tiga kelompok utama, meliputi individu rentan (*susceptible*) S , terinfeksi (*infectious*) I , serta yang telah dinyatakan sembuh (*recovered*) R . Selain itu ditambahkan variabel $A(t)$ yang menyatakan populasi jentik/pupa nyamuk yang dipengaruhi oleh curah hujan $H(t)$.



Gambar 2. Diagram Kompartemen Model

Pendekatan *homogeneous mixing* diterapkan pada populasi manusia dalam model ini, yang berarti interaksi antarindividu diasumsikan terjadi secara acak dan merata. Konsekuensinya, probabilitas untuk mengalami paparan atau transmisi penyakit adalah sama bagi setiap anggota populasi. Total populasi manusia diasumsikan konstan dengan $N = S + I + R$ karena laju kelahiran sama dengan kematian alami manusia.

Laju transmisi penyakit tidak dianggap konstan, tetapi dipengaruhi oleh populasi jentik/pupa melalui fungsi $\beta(A)$. Semakin besar populasi jentik/pupa, maka semakin besar peluang penularan penyakit DBD pada manusia.

Berdasarkan diagram kompartemen, sistem persamaan diferensial model dirumuskan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N - \beta(A)SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta(A)SI - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R \end{aligned}$$

$$\frac{dA}{dt} = rH(t)A(t) \left(1 - \frac{A(t)}{K}\right) - \mu_A A(t)$$

Dengan fungsi laju transmisi dinyatakan sebagai:

$$\beta(A) = \beta_0 A(t)$$

Atau dapat pula dituliskan dalam bentuk:

$$\beta(A) = \beta_0(1 + \varepsilon A(t))$$

Di mana β_0 merupakan laju transmisi dasar dan ε menyatakan tingkat pengaruh populasi jentik/pupa terhadap peningkatan laju transmisi penyakit.

Keterangan parameter pada model diberikan sebagai berikut:

- $S(t)$: populasi rentan (*susceptible*)
- $I(t)$: populasi terinfeksi (*infectious*)
- $R(t)$: populasi sembuh (*recovered*)
- $A(t)$: populasi jentik/pupa nyamuk
- $H(t)$: indeks curah hujan
- μ : laju kelahiran dan kematian alami manusia
- μ_A : laju kematian alami jentik/pupa
- γ : laju pemulihan penderita
- r : laju pertumbuhan maksimum jentik akibat curah hujan
- K : kapasitas dukung lingkungan bagi jentik/pupa
- N : total populasi manusia

Model tersebut menunjukkan bahwa populasi rentan bertambah melalui kelahiran sebesar μN , kemudian berkurang akibat infeksi dan kematian alami. Populasi terinfeksi bertambah akibat kontak antara individu rentan dan individu terinfeksi dengan laju $\beta(A)SI$, serta berkurang karena proses pemulihan dan kematian alami. Selanjutnya populasi sembuh bertambah melalui proses pemulihan individu terinfeksi.

Pada sisi lain, dinamika populasi jentik/pupa mengikuti model pertumbuhan logistik yang dipengaruhi oleh curah hujan. Curah hujan yang tinggi akan meningkatkan pertumbuhan jentik sehingga berpotensi meningkatkan laju transmisi penyakit DBD.

3.2 Analisis Model

Evaluasi perilaku penyebaran penyakit di dalam populasi dilakukan pada tahapan ini melalui penentuan titik kesetimbangan sistem serta kalkulasi bilangan reproduksi dasar (R_0). Langkah analisis ini krusial untuk memprediksi apakah penyakit akan punah atau tetap endemik dalam jangka panjang.

3.2.1 Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Keadaan ekuilibrium bebas penyakit (*Disease-Free Equilibrium*) terealisasi apabila seluruh kompartemen individu yang mengidap infeksi bernilai nol di dalam populasi, yaitu:

$$I^* = 0$$

Dengan mensubstitusikan kondisi tersebut ke sistem persamaan diferensial diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit:

$$E_0 = (S^*, I^*, R^*, A^*)$$

Dengan

$$S^* = N, I^* = 0, R^* = 0$$

Sedangkan populasi jentik memenuhi:

$$rH(t)A^* \left(1 - \frac{A^*}{K}\right) - \mu_A A^* = 0$$

Sehingga diperoleh:

$$A^* = 0$$

Atau

$$A^* = K \left(1 - \frac{\mu_A}{rH(t)}\right)$$

Untuk $rH(t) > \mu_A$.

Kondisi ekuilibrium bebas penyakit mengindikasikan fase tunak (*steady state*) saat penularan virus DBD telah tereliminasi sepenuhnya, sehingga tidak terjadi lagi transmisi aktif di antara populasi.

3.2.2 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) digunakan untuk menentukan apakah penyakit akan menyebar atau menghilang dari populasi. Nilai R_0 menyatakan rata-rata jumlah individu baru yang terinfeksi akibat satu individu terinfeksi selama masa infeksi.

Berdasarkan model yang diperoleh, fungsi laju transmisi dipengaruhi oleh populasi jentik/pupa melalui:

$$\beta(A) = \beta_0(1 + \epsilon A(t))$$

Dengan menggunakan pendekatan titik kesetimbangan, maka bilangan reproduksi dasar dapat dituliskan sebagai:

$$R_0 = \frac{\beta_0(1 + \epsilon A^*)N}{\gamma + \mu}$$

Dengan:

- β_0 menyatakan laju transmisi dasar,
- ϵ menyatakan pengaruh populasi jentik terhadap peningkatan transmisi,
- A^* menyatakan populasi jentik pada keadaan setimbang,
- N menyatakan total populasi manusia.

Persamaan tersebut menunjukkan bahwa peningkatan populasi jentik/pupa akibat curah hujan akan meningkatkan nilai R_0 , sehingga risiko penyebaran penyakit DBD menjadi lebih besar. Sebaliknya, peningkatan laju pemulihan penderita (γ) akan memperkecil nilai R_0 , sehingga penyebaran penyakit dapat ditekan.

3.2.3 Analisis Kestabilan

Penentuan sifat kestabilan pada titik kesetimbangan sistem dikendalikan oleh parameter ambang batas yang merepresentasikan bilangan reproduksi dasar (R_0).

1. Ketika nilai $R_0 < 1$, *Disease-Free Equilibrium* (DFE) mengonstruksi sifat stabilitas asimtotik lokal, yang mengimplikasikan terjadinya degradasi kuantitas populasi terinfeksi secara monoton hingga patogen mencapai kepunahan total.
2. Sebaliknya, apabila $R_0 > 1$, kondisi bebas penyakit kehilangan sifat kestabilannya sehingga perturbasi kecil pada populasi terinfeksi akan memicu eskalasi penularan yang mengarahkan sistem menuju status endemik.

Secara biologis, kondisi $R_0 < 1$ menunjukkan bahwa laju pemulihan lebih besar dibandingkan laju penularan penyakit. Sebaliknya, ketika $R_0 > 1$, laju penularan penyakit lebih dominan sehingga jumlah individu terinfeksi akan terus bertambah.

Dalam konteks penelitian ini, penguatan intervensi klinis dapat dimodelkan melalui peningkatan laju pemulihan (γ). Semakin besar nilai γ , maka nilai R_0 akan semakin kecil. Hal ini menunjukkan bahwa peningkatan kualitas pelayanan kesehatan, percepatan diagnosis, dan efektivitas penanganan pasien dapat membantu menekan penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Minahasa.

Selain itu, pengendalian populasi jentik/pupa juga berpengaruh penting dalam menurunkan laju transmisi penyakit. Upaya seperti pemberantasan sarang nyamuk, pengelolaan lingkungan, dan pengurangan genangan air dapat menurunkan populasi jentik sehingga nilai $\beta(A)$ dan R_0 ikut menurun.

3.3 Simulasi Numerik

Eksplorasi mengenai pola penyebaran wabah Dengue dianalisis secara komputasional melalui simulasi numerik, yang bertujuan untuk memverifikasi perilaku dinamis dari struktur model $SIR - A$ yang dikembangkan. Simulasi dijalankan menggunakan perangkat lunak *Wolfram Mathematica* dengan parameter yang diperoleh dari literatur dan asumsi biologis yang relevan terhadap kondisi epidemiologi DBD di Kabupaten Minahasa.

Acuan epidemiologi yang digunakan berasal dari penelitian Sumampouw (2020) yang menunjukkan bahwa kasus DBD di Kabupaten Minahasa mengalami peningkatan pada tahun 2016–2018 dan dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti curah hujan. Faktor curah hujan menyebabkan meningkatnya tempat perkembangbiakan nyamuk sehingga populasi jentik/pupa meningkat dan memperbesar peluang penularan penyakit DBD.

3.3.1 Nilai Parameter dan Kondisi Awal

Tabel 1. Nilai Parameter Simulasi Model $SIR - A$

Parameter	Nilai	Satuan	Deskripsi dan Dasar Penentuan Parameter
N	1000	Individu	Total populasi manusia skala sampel dasar untuk mempermudah visualisasi proporsi tiap kompartemen.
μ	0.00004/hari	$hari^{-1}$	Laju kelahiran dan kematian alami manusia. Angka ini disesuaikan dengan rata-rata angka harapan hidup penduduk Indonesia, di mana masa hidup rata-rata adalah $\frac{1}{\mu} \approx 25.000$ hari atau sekitar 68 tahun.
γ	0.14/hari	$hari^{-1}$	Laju pemulihan penderita DBD. Nilai 0.14 mencerminkan durasi klinis infeksi aktif virus Dengue di dalam tubuh manusia yang rata-rata berlangsung selama 7 hari hingga fase kritis selesai ($\frac{1}{0.14} \approx 7.14$ hari).
β_0	0.0003	$hari^{-1}$	Laju transmisi dasar yang merepresentasikan peluang awal terjadinya penularan DBD per unit kontak antara manusia rentan dan manusia sakit dalam kondisi lingkungan normal.
μ_A	0.08/hari	$hari^{-1}$	Laju kematian alami jentik/pupa. Nilai ini didasarkan pada siklus hidup alami fase akuatik nyamuk <i>Aedes aegypti</i> sebelum menjadi nyamuk dewasa, yaitu berkisar antara 11 hingga 13 hari ($\frac{1}{0.08} \approx 12.5$ hari).
r	0.25/hari	$hari^{-1}$	Laju pertumbuhan maksimum fase jentik akibat pengaruh ketersediaan air di wadah perkembangbiakan.

K	500	Individu	Kapasitas dukung lingkungan yang menunjukkan ambang batas maksimal daya tampung media genangan air terhadap pertumbuhan populasi jentik/pupa.
ϵ	0.002	-	Koefisien pengaruh populasi jentik terhadap transmisi, berfungsi sebagai parameter skala sensitivitas densitas jentik dalam menaikkan laju infeksi.
$H(t)$	1.2	-	Indeks curah hujan konstan untuk skenario normal, mencerminkan karakteristik wilayah Kabupaten Minahasa yang memiliki curah hujan tinggi sebagai pemicu utama munculnya tempat perindukan nyamuk (<i>breeding sites</i>).
$S(0)$	950		Populasi awal rentan
$I(0)$	50		Populasi awal terinfeksi
$R(0)$	0		Populasi awal sembuh

Pada simulasi ini digunakan fungsi laju transmisi:

$$\beta(A) = \beta_0(1 + \epsilon A(t))$$

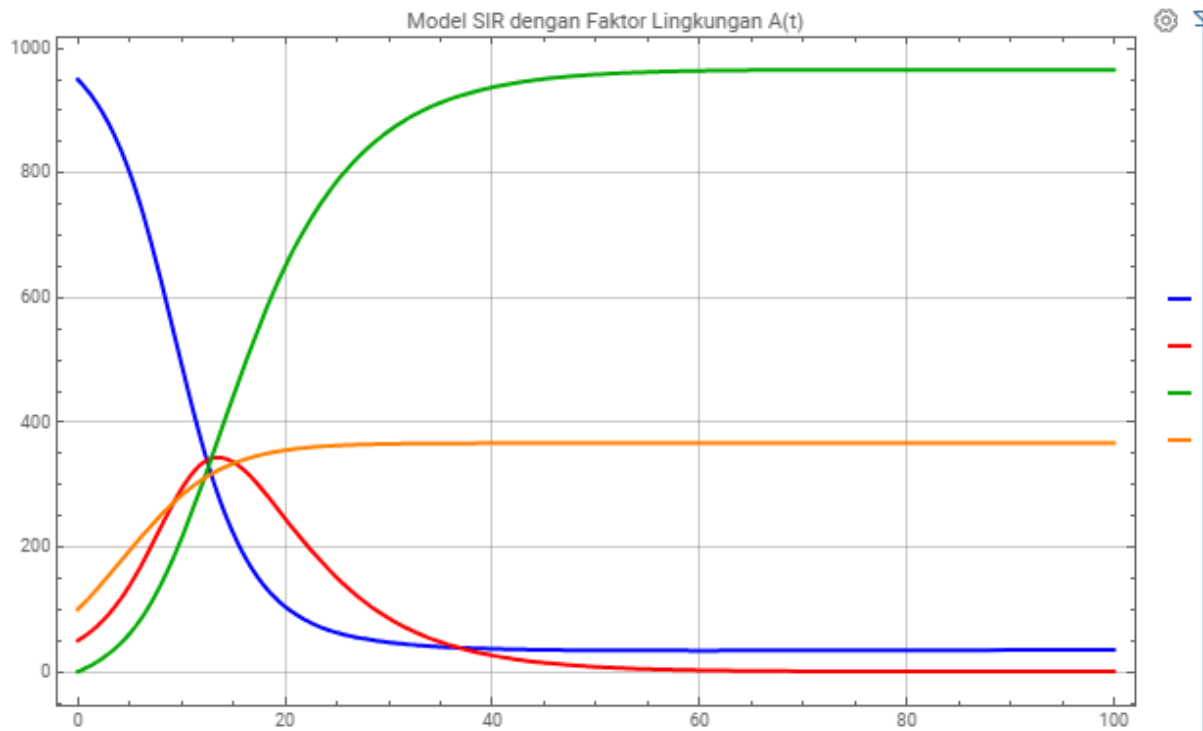
Sehingga sistem persamaan diferensial menjadi:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu N - \beta_0(1 + \epsilon A)SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta_0(1 + \epsilon A)SI - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R \\ \frac{dA}{dt} &= rH(t)A \left(1 - \frac{A}{K}\right) - \mu_A A\end{aligned}$$

3.3.2 Simulasi Dinamika Populasi

Simulasi awal dikonstruksi untuk mengevaluasi trajektori perilaku kompartemen rentan, terinfeksi, sembuh, serta fase jentik/pupa dalam rentang garis waktu sepanjang 100 hari.

Berdasarkan hasil simulasi pada Gambar 3, diperoleh bahwa populasi rentan $S(t)$ mengalami penurunan pada awal waktu akibat meningkatnya interaksi antara individu rentan dengan individu terinfeksi. Penurunan populasi rentan diikuti dengan meningkatnya populasi terinfeksi $I(t)$ hingga mencapai titik maksimum tertentu.



Gambar 3. Dinamika Populasi Model $SIR - A$ pada Kondisi Normal

Selanjutnya, populasi terinfeksi mulai mengalami penurunan seiring meningkatnya jumlah individu sembuh $R(t)$. Kondisi ini menunjukkan bahwa proses pemulihan memberikan pengaruh terhadap berkurangnya penyebaran penyakit dalam populasi.

Pada sisi lain, populasi jentik/pupa $A(t)$ mengalami peningkatan akibat pengaruh curah hujan terhadap pertumbuhan jentik. Peningkatan populasi jentik menyebabkan laju transmisi penyakit meningkat sehingga memperbesar peluang penyebaran DBD di lingkungan masyarakat.

Dalam jangka panjang sistem cenderung menuju kondisi stabil, di mana jumlah individu terinfeksi menurun dan populasi sembuh meningkat.

Visualisasi komputasional mengonfirmasi bahwa kuantitas individu pada kompartemen terinfeksi mengalami penurunan secara asimtotik menuju nol dalam estimasi jangka panjang. Fenomena transisi ini selaras dengan justifikasi teoritis dari *Disease-Free Equilibrium* (DFE) yang telah diturunkan sebelumnya, di mana koordinat ekuilibrium bebas penyakit menetapkan $I^* = 0$. Validasi numerik ini memperkuat bukti analitis bahwa sistem akan berkonvergensi menuju eliminasi total patogen apabila laju pemulihan klinis lebih superior daripada laju transmisi infeksi.

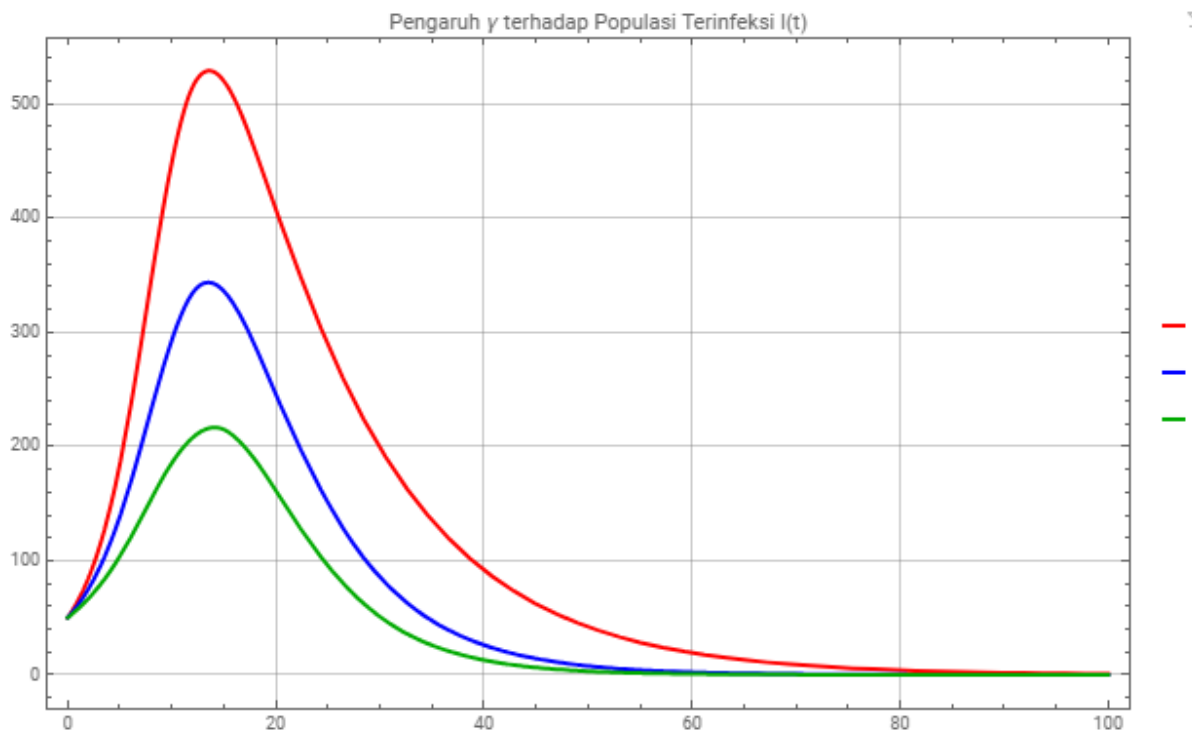
3.3.3 Pengaruh Penguatan Intervensi Klinis

Pada penelitian ini, penguatan intervensi klinis dimodelkan melalui peningkatan laju pemulihan penderita (γ). Semakin besar nilai γ , maka semakin cepat individu terinfeksi berpindah ke kompartemen sembuh.

Untuk melihat pengaruh intervensi klinis terhadap dinamika penyebaran penyakit, dilakukan simulasi menggunakan tiga skenario berbeda.

Tabel 2. Skenario intervensi klinis

Skenario	Nilai γ
Intervensi rendah	0.08
Intervensi sedang	0.14
Intervensi tinggi	0.20



Gambar 4. Pengaruh Intervensi Klinis terhadap Populasi Terinfeksi

Berdasarkan hasil simulasi terlihat bahwa peningkatan nilai γ menyebabkan jumlah individu terinfeksi menurun lebih cepat. Pada kondisi intervensi rendah ($\gamma = 0.08$), jumlah individu terinfeksi mencapai puncak yang lebih tinggi dan berlangsung lebih lama.

Sementara itu, pada kondisi intervensi tinggi ($\gamma = 0.20$), jumlah individu terinfeksi menurun secara signifikan dan sistem lebih cepat mencapai kondisi stabil. Hal ini

menunjukkan bahwa peningkatan kualitas pelayanan kesehatan, percepatan diagnosis, dan efektivitas penanganan pasien dapat membantu menurunkan penyebaran penyakit DBD di Kabupaten Minahasa.

3.3.4 Pembahasan Hasil Simulasi dan Kaitannya dengan Penelitian Terdahulu

Jika dicermati pada grafik Gambar 3, pergerakan grafik kompartemen manusia mengikuti pola epidemi klasik yang sejalan dengan teori dasar dari Kermack dan McKendrick (1927) serta Hethcote (2000), di mana lonjakan populasi terinfeksi (I) selalu didahului oleh penurunan sensitif pada populasi rentan (S). Namun, keunikan model $SIR - A$ dalam penelitian ini terletak pada integrasi dinamis kompartemen jentik/pupa $A(t)$ yang mendikte laju infeksi melalui fungsi $\beta(A)$. Ketika curah hujan $H(t)$ diasumsikan konstan pada indeks 1.2, populasi jentik melonjak tajam mendekati kapasitas dukung lingkungan ($K = 500$). Fenomena ini memperkuat temuan empiris dari Sumampouw (2020) mengenai epidemiologi DBD di Kabupaten Minahasa, yang menyatakan bahwa tingginya curah hujan lokal berbanding lurus dengan perluasan tempat perindukan nyamuk (*breeding sites*). Hubungan nonlinear antara densitas jentik dan kecepatan transmisi manusia ini juga selaras dengan argumen Esteva dan Vargas (1998) yang menegaskan bahwa kontrol pada fase akuatik vektor merupakan determinan krusial dalam meredam nilai ambang batas bilangan reproduksi dasar (R_0).

3.3.5 Kontribusi Model terhadap Strategi Pengendalian DBD di Kabupaten Minahasa

Hasil visualisasi pada Gambar 4 memberikan kontribusi praktis yang signifikan bagi relevansi kebijakan kesehatan publik di Kabupaten Minahasa. Simulasi pada tiga skenario nilai γ membuktikan bahwa intervensi klinis tidak hanya sekadar mempercepat kesembuhan pasien secara individu, melainkan mampu mengubah trajektori wabah secara makro. Ketika laju pemulihan berada pada skenario rendah ($\gamma = 0.08$), kurva terinfeksi mencapai puncak ekstrem yang tinggi (melebihi 500 individu) dan bertahan dalam durasi yang lama. Kondisi ini secara riil merepresentasikan risiko kelumpuhan fasilitas kesehatan akibat fenomena *overcapacity* atau lonjakan pasien DBD di rumah sakit.

Sebaliknya, ketika intervensi medis dioptimalkan hingga mencapai skenario tinggi ($\gamma = 0.20$), puncak kurva terinfeksi berhasil ditekan secara drastis hingga berada di bawah kisaran 200 individu, serta mempercepat waktu konvergensi sistem menuju kesetimbangan bebas penyakit (*Disease-Free Equilibrium*). Secara operasional, interpretasi ini menunjukkan bahwa kontribusi model dapat dijadikan landasan bagi Dinas Kesehatan Kabupaten Minahasa untuk tidak hanya berfokus pada pendekatan konvensional seperti *fogging* (yang hanya membunuh nyamuk dewasa). Pemerintah daerah harus menyeimbangkannya dengan penguatan manajemen klinis, seperti

percepatan akurasi diagnosis dini di Puskesmas dan pemenuhan fasilitas rawat inap, guna mendongkrak laju pemulihan (γ) sejak fase awal penularan musim hujan terjadi.

3.3.6 Keterbatasan Model dan Implikasinya terhadap Hasil Riset

Seperti halnya pemodelan matematika pada umumnya, model $SIR - A$ yang dikonstruksi dalam penelitian ini memiliki beberapa keterbatasan teoretis yang perlu diperhatikan. Pertama, model ini mengasumsikan total populasi manusia konstan ($N = 1000$) dan mengabaikan faktor mobilitas atau migrasi penduduk. Kedua, hubungan transmisi dari fase akuatik nyamuk langsung dihubungkan ke manusia melalui parameter pengaruh ϵ , tanpa melibatkan kompartemen nyamuk dewasa (*Aedes aegypti*) secara terpisah. Ketiga, indeks curah hujan $H(t)$ dalam simulasi ini masih dianggap sebagai parameter konstan, belum berupa fungsi periodik yang menangkap fluktuasi musim secara riil.

Keterbatasan tersebut membawa implikasi langsung terhadap hasil penelitian yang diperoleh. Ketiadaan kompartemen nyamuk dewasa menyebabkan model ini tidak mampu menangkap jeda waktu biologis (*biological delay*) yang dibutuhkan jentik untuk bermetamorfosis menjadi vektor aktif yang siap menggigit manusia. Akibatnya, proyeksi waktu pencapaian puncak wabah pada hasil simulasi (Gambar 3) kemungkinan bergeser lebih cepat dibandingkan dengan pola kasus riil di lapangan. Selain itu, asumsi populasi konstan menyebabkan model ini lebih representatif diterapkan pada wilayah sub-kecamatan atau klaster desa terisolasi di Minahasa, dan akan membutuhkan kalibrasi ulang jika digunakan untuk memprediksi dinamika epidemi pada skala kabupaten yang memiliki mobilitas penduduk tinggi. Meskipun demikian, implikasi ini tidak mengurangi validitas kualitatif dari model, sebab struktur matematika yang dibangun tetap konsisten dalam menunjukkan arah kebijakan bahwa kombinasi kontrol jentik dan perbaikan layanan klinis adalah intervensi paling optimal

4. SIMPULAN

Penelitian ini mengonstruksi model matematika $SIR-A$ untuk melihat pola penularan DBD di Kabupaten Minahasa dengan melibatkan populasi jentik/pupa nyamuk pada laju transmisinya. Hasil evaluasi model membuktikan bahwa bilangan reproduksi dasar (R_0) menjadi parameter utama yang mengontrol penyebaran penyakit. Ketika kondisi syarat $R_0 > 1$ terpenuhi, infeksi akan meluas dan menyebabkan situasi endemik.

Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa peningkatan populasi jentik/pupa menyebabkan peningkatan laju transmisi penyakit sehingga jumlah individu terinfeksi meningkat. Selain itu, penguatan intervensi klinis yang direpresentasikan melalui peningkatan laju pemulihan penderita (γ) mampu menurunkan jumlah individu terinfeksi dan mempercepat sistem menuju kondisi stabil.

Dengan demikian, peningkatan kualitas pelayanan kesehatan, percepatan diagnosis, dan efektivitas penanganan pasien dapat menjadi salah satu strategi penting dalam pengendalian endemik DBD di Kabupaten Minahasa.

5. UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih yang mendalam kepada dosen pembimbing atas arahan dan koreksi berharga dalam pengerjaan manuskrip ini. Apresiasi juga diberikan kepada seluruh pihak yang telah memfasilitasi riset serta simulasi numerik hingga artikel ilmiah ini dapat dirampungkan dengan baik.

6. REKOMENDASI

Berdasarkan keterbatasan model yang telah diidentifikasi, riset selanjutnya diharapkan dapat mengembangkan model $SIR - A$ ini menjadi model multikelompok yang memisahkan kompartemen vektor akuatik dan vektor dewasa secara eksplisit untuk mengakomodasi jeda biologis nyamuk. Penggunaan data riil jangka panjang mengenai fluktuasi curah hujan bulanan dan angka kasus bulanan dari Dinas Kesehatan Kabupaten Minahasa sangat direkomendasikan untuk mengkalibrasi parameter fungsi laju transmisi agar lebih akurat. Terakhir, bagi pembuat kebijakan, disarankan untuk mengintegrasikan program Pemberantasan Sarang Nyamuk (PSN) secara berkala dengan peningkatan alokasi logistik medis di setiap faskes primer guna memastikan parameter laju kesembuhan tetap berada pada target skenario optimal ketika musim penularan tiba.

7. REFERENSI

- Aldila, D., Khalsiah, K. and Ndi, M. Z. (2023) Analyzing the transmission dynamics of Dengue fever with vector control and community awareness: A mathematical modeling approach. *Jurnal Matematika Kreatif-Inovatif*, **14**(2), 185-198.
- Allen, L.J.S. (2007) *An Introduction to Mathematical Biology*. London: Pearson Education Inc.
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C. and Feng, Z. (2019) *Mathematical Models in Epidemiology*. Berlin: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9>
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Roberts, M. G. (2010). The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface*, **7**(47), 873–885. <https://doi.org/10.1098/rsif.2009.0386>
- Esteva, L. and Vargas, C. (1998) Analysis of a Dengue Disease Transmission Model. *Mathematical Biosciences*, **150**, 131-151. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(98\)10003-2](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(98)10003-2)
- Hethcote, H.W. (2000) The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Review*, **42**, 599-653. <https://doi.org/10.1137/s0036144500371907>

- Kermack, W.O. and McKendrick, A.G. (1927) A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, **115**, 700-721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- Martcheva, M. (2015) *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Berlin: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7612-3>
- Ndii, M. Z. (2018). *Pemodelan Matematika Dinamika Populasi Dan Penyebaran Penyakit Teori, Aplikasi, Dan Numerik*. Deepublish. ISBN 978-623-7022-81-7
- Ndii, M. Z., Amadi, M. and Aldila, D. (2022) The framework of SIR-type models with aquatic stages for vector-borne diseases analysis. *Infectious Disease Modelling*, **7**(3), 412-425. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2022.06.004>
- Sari, M. N., Ramadhani, S. and Putri, E. R. (2024) Dinamika transmisi virus dengue dengan pengaruh fluktuasi iklim lokal di wilayah tropis. *Jurnal Sains dan Matematika*, **12**(1), 45-56.
- Sumampouw, O. J. (2020). Epidemiologi Demam Berdarah Dengue di Kabupaten Minahasa. *Jurnal Biomedik*, **12**(2), 73–81. <https://doi.org/10.35801/srjoph.v1i1.27272>
- Van den Driessche, P. and Watmough, J. (2002) Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, **180**, 29-48. doi:10.1016/S0025-5564(02)00108-6
- Yusuf, A. S. and Handayani, T. (2025) Analisis kestabilan model epidemiologi SIR-A pada penyebaran demam berdarah berbasis intervensi lingkungan. *Jurnal Teori dan Aplikasi Matematika*, **9**(1), 12-25.