

Stability Analysis and Optimal Control of the SEIR-SI Model for the Spread of Dengue Hemorrhagic Fever with Treatment Control

Analisis Stabilitas dan Kontrol Optimal Model SEIR-SI pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue dengan Pengaruh Kontrol Pengobatan

Rido Evendi Tarigan^{1*}, Pardomuan Sitompul²

^{1,2}Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Medan, Sumatera Utara

Email: ¹ridotarigan070104.4223230016@mhs.unimed.ac.id, ²ptmath@unimed.ac.id

*Corresponding Author

Received: 18 July 2026, revised: 27 August 2026, accepted: 30 August 2026

Abstract

Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) is an infectious disease caused by the dengue virus and transmitted through the bite of the *Aedes aegypti* mosquito. This study aims to analyze the stability and optimal control of the SEIR-SI mathematical model for the spread of DHF. The model was developed from the existing SIR-SI model, incorporating the addition of an Exposed class (E_h) to represent the virus incubation period in humans, as well as a control variable $u(t)$ representing medical intervention in the form of accelerated recovery of infected individuals. The novelty of this study lies in the integration of an Exposed compartment to model the dengue virus incubation period alongside a time-dependent treatment control strategy applied to an SEIR-SI framework. The model consists of six compartments : Susceptible human (S_h), Exposed human (E_h), Infected human (I_h), Recovered human (R_h), Susceptible vector (S_v), and Infected vector (I_v). Equilibrium analysis yields two equilibrium points: the disease-free equilibrium (E_0) and the endemic equilibrium (E_1). The basic reproduction number (R_0) is determined using the Next Generation Matrix method. Stability analysis based on the Routh-Hurwitz criterion shows that E_0 is locally asymptotically stable when $R_0 < 1$, and E_1 is locally asymptotically stable when

$R_0 > 1$. Optimal control is formulated using Pontryagin's Maximum Principle, with an objective function that minimizes the number of infected individuals and intervention costs. Numerical simulation is carried out using the Forward-Backward Sweep method with the RK45 solver in Python over a time horizon of $T = 12$ months. Simulation results show that the application of optimal control reduces the peak number of infected humans by 14.05% and the total cumulative disease burden by 20.93% compared to the no-intervention scenario. The optimal control profile $u(t) \approx 0.9$ for nearly the entire control period indicates that consistent and sustained medical intervention is required to effectively suppress the spread of DHF.

Keywords: Dengue Hemorrhagic Fever, SEIR-SI Model, Basic Reproduction Number, Stability Analysis, Optimal Control, Pontryagin's Maximum Principle



Abstrak

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus dengue dan ditularkan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti*. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis kestabilan dan kontrol optimal model matematika SEIR-SI pada penyebaran penyakit DBD. Model dikembangkan dari model SIR-SI yang telah ada sebelumnya, dengan penambahan kelas Exposed (E_h) untuk menggambarkan masa inkubasi virus pada manusia, serta penambahan variabel kontrol $u(t)$ yang merepresentasikan intervensi medis berupa percepatan penyembuhan individu terinfeksi. Kebaruan dari penelitian ini terletak pada pengembangan model SIR-SI menjadi SEIR-SI dengan menambahkan kompartemen masa inkubasi virus pada manusia serta mengintegrasikan strategi kontrol pengobatan dinamis berbasis waktu. Model terdiri dari enam kompartemen, yaitu Susceptible human (S_h), Exposed human (E_h), Infected human (I_h), Recovered human (R_h), Susceptible vector (S_v), dan Infected vector (I_v). Analisis titik kesetimbangan menghasilkan dua titik, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) dan titik kesetimbangan endemik (E_1). Bilangan reproduksi dasar (R_0) ditentukan menggunakan metode Next Generation Matrix. Analisis kestabilan dengan kriteria Routh-Hurwitz menunjukkan bahwa E_0 bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 < 1$, dan E_1 bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 > 1$. Kontrol optimal diformulasikan menggunakan Prinsip Maksimum Pontryagin dengan fungsi tujuan meminimalkan jumlah individu terinfeksi dan biaya intervensi. Simulasi numerik dilakukan menggunakan metode Forward-Backward Sweep dengan solver RK45 pada perangkat lunak Python selama $T = 12$ bulan. Hasil simulasi menunjukkan bahwa penerapan kontrol optimal mampu mereduksi puncak jumlah manusia terinfeksi sebesar 14,05% dan total beban penyakit kumulatif sebesar 20,93% dibandingkan tanpa intervensi. Pola kontrol optimal $u(t) \approx 0,9$ hampir sepanjang periode pengendalian mengindikasikan bahwa intervensi medis yang konsisten dan berkelanjutan diperlukan untuk menekan penyebaran DBD secara efektif.

Kata kunci: Demam Berdarah Dengue, Model SEIR-SI, Bilangan Reproduksi Dasar, Analisis Kestabilan, Kontrol Optimal, Prinsip Maksimum Pontryagin.

1. PENDAHULUAN

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan penyakit menular yang hingga saat ini masih menjadi perhatian serius dalam bidang kesehatan global [1]. Penyakit ini disebabkan oleh virus dengue yang ditularkan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* [2]. Pada tahun 2024, World Health Organization (WHO) melaporkan lebih dari 7,6 juta kasus demam berdarah di seluruh dunia, dengan lebih dari 3.000 kematian akibat penyakit ini . [3]

Di Indonesia, DBD merupakan penyakit endemik yang hampir setiap tahun muncul di berbagai daerah. Pada tahun 2024, Kementerian Kesehatan Republik Indonesia mencatat 257.271 kasus DBD dengan 1.461 kematian [4]. Kota Medan sebagai salah satu daerah endemik mencatat 1.102 kasus pada tahun 2024 dengan 1 kematian [5].

Pemodelan matematika berbasis sistem persamaan diferensial merupakan pendekatan yang efektif untuk menjelaskan dinamika penyebaran penyakit secara kuantitatif [6]. Konsep bilangan reproduksi dasar (R_0), titik kesetimbangan, dan kestabilan sistem menjadi landasan penting dalam analisis epidemiologi matematis [7]. Untuk penyakit berbasis vektor seperti DBD, model dikembangkan dengan melibatkan dua populasi: populasi manusia menggunakan struktur SEIR dan populasi nyamuk menggunakan struktur SI, membentuk model SEIR-SI [8].

Berbagai penelitian terdahulu telah mengembangkan model SEIR-SI dengan memasukkan faktor intervensi. [9] mengkaji model DBD dengan penambahan kelas perawatan dan pengendalian vektor melalui fogging. [10] menunjukkan bahwa pengobatan manusia dan pengendalian populasi vektor secara simultan mampu menekan laju penularan secara lebih efektif[11].

Selain itu, penerapan kontrol optimal menggunakan Prinsip Maksimum Pontryagin telah dilakukan oleh [12], [13] pada model DBD berbasis SIR-SI. Pada penelitian ini, model SIR-SI yang diajukan oleh [12] dikembangkan dengan menambahkan kompartemen Exposed (E_h) untuk merepresentasikan masa inkubasi virus dengue, serta variabel kontrol $u(t)$ yang merepresentasikan intervensi medis berupa percepatan penyembuhan individu terinfeksi [14].

Untuk memperjelas kontribusi utama dari penelitian ini, dilakukan perbandingan eksplisit dengan model pada [10] dan [2]. [10] mengajukan model SIR-SI 5 kompartemen yang mempertimbangkan pertumbuhan vektor akibat perubahan iklim dan pengobatan, namun model tersebut belum menyertakan fase inkubasi virus pada manusia (E_h) yang penting untuk menggambarkan penundaan transmisi DBD secara realistis. Sementara itu, Yagan dan Jasmine [2] mengembangkan model berbasis SEIR dengan fokus pada pemisahan individu terinfeksi untuk alokasi sumber daya, tetapi tidak memformulasikan masalah kontrol optimal dinamis untuk meminimalkan beban penyakit dan biaya intervensi secara simultan. Berbeda dengan kedua penelitian tersebut, penelitian ini mengembangkan struktur SIR-SI dari [10] menjadi model SEIR-SI 6 kompartemen dengan menambahkan kelas Exposed (E_h) serta mengintegrasikan variabel kontrol pengobatan medis dinamis $u(t)$ berbasis Prinsip Maksimum Pontryagin. Pengembangan struktur ini memberikan gambaran epidemiologi DBD yang lebih realistis secara biologis sekaligus memberikan rekomendasi strategi intervensi yang optimal secara biaya.

Penelitian ini bertujuan (1) menyusun model SEIR-SI penyebaran DBD dengan pengaruh penyembuhan, (2) menganalisis kestabilan titik kesetimbangan menggunakan kriteria Routh-Hurwitz, dan (3) menentukan strategi kontrol optimal menggunakan Prinsip Maksimum Pontryagin untuk meminimalkan penyebaran penyakit.

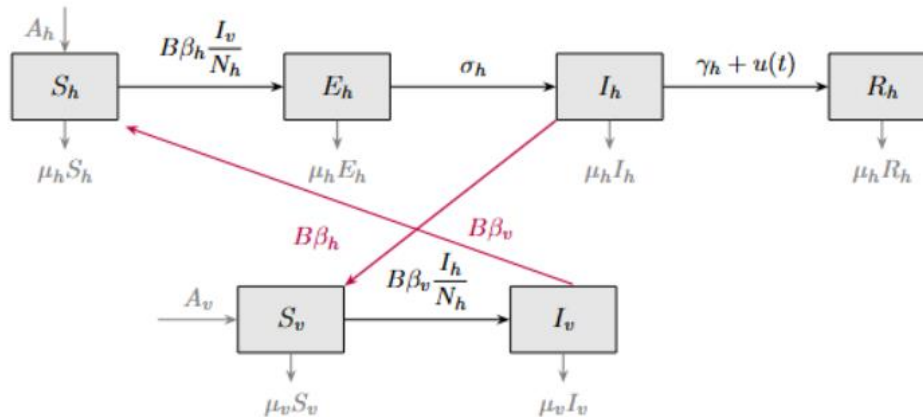
2. FORMULASI MODEL MATEMATIKA

Dalam penelitian ini dilakukan modifikasi terhadap model penyebaran penyakit DBD yang mengacu pada model utama yang telah dikemukakan oleh [12] yaitu model matematika yang terdiri dari 5 kompartemen yaitu *Susceptible human* (S_h), *Infected human* (I_h), *Recovered human* (R_h), *Susceptible vector* (S_v), dan *Infected vector* (I_v). Pada penelitian ini akan ditambahkan kelas *Exposed human* (E_h) pada populasi manusia, sehingga model berkembang menjadi model *SEIR-SI* yang terdiri dari 6 kompartemen. Penambahan kelas *Exposed* ini relevan karena virus dengue memiliki masa inkubasi pada manusia sebelum menunjukkan gejala dan menjadi infeksius.

Pada penelitian ini juga akan ditambahkan variabel kontrol $u(t)$ yang mempengaruhi laju penyembuhan dari kelas I_h ke kelas R_h . Kontrol ini merepresentasikan intervensi medis seperti pengobatan atau terapi yang diberikan kepada individu terinfeksi untuk mempercepat proses penyembuhan. Ketika $u(t)=0$, penyembuhan hanya terjadi secara alami dengan laju γ_h , sedangkan ketika $u(t) > 0$, terjadi peningkatan laju penyembuhan akibat intervensi.

Berdasarkan uraian di atas, model matematika untuk penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan kontrol $u(t)$ adalah sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
\frac{dS_h}{dt} &= A_h - \beta_h B \frac{S_h I_v}{N_h} - \mu_h S_h, \\
\frac{dE_h}{dt} &= \beta_h B \frac{S_h I_v}{N_h} - (\sigma_h + \mu_h) E_h, \\
\frac{dI_h}{dt} &= \sigma_h E_h - (\gamma_h + u(t) + \mu_h) I_h, \\
\frac{dR_h}{dt} &= (\gamma_h + u(t)) I_h - \mu_h R_h, \\
\frac{dS_v}{dt} &= A_v - \beta_v B \frac{S_v I_h}{N_h} - \mu_v S_v, \\
\frac{dI_v}{dt} &= \beta_v B \frac{S_v I_h}{N_h} - \mu_v I_v,
\end{aligned}
\tag{2.1}$$



Gambar 2.1 Diagram Kompartemen Model *SEIR-SI* Penyebaran DBD dengan Kontrol $u(t)$

Tabel 2.1 Keterangan Nilai Kompartemen dan Parameter Model *SEIR-SI*

Simbol	Arti	Keterangan Biologis
$S_h(t)$	Individu <i>Susceptible</i>	Jumlah manusia yang rentan terhadap infeksi DBD. Mereka belum terpapar virus dengue dan dapat tertular melalui gigitan nyamuk terinfeksi.
$E_h(t)$	Individu <i>Exposed</i>	Jumlah manusia yang telah terpapar virus dengue tetapi belum menular. Individu dalam tahap inkubasi.
$I_h(t)$	Individu <i>Infected</i>	Jumlah manusia yang terinfeksi dan dapat menularkan virus dengue kepada nyamuk saat digigit.

JURNAL MATEMATIKA, STATISTIKA, DAN KOMPUTASI

Rido Evendi Tarigan, Pardomuan Sitompul

$R_h(t)$	Individu <i>Recovered</i>	Jumlah manusia yang telah sembuh dari infeksi DBD dan memiliki kekebalan sementara terhadap penyakit.
$S_v(t)$	Nyamuk <i>Susceptible</i>	Jumlah nyamuk yang belum terinfeksi virus dengue dan dapat menjadi vektor bila menggigit manusia yang terinfeksi.
$I_v(t)$	Nyamuk <i>Infected</i>	Jumlah nyamuk yang membawa virus dengue dan mampu menularkannya kepada manusia sehat.
A_h	Rate pertumbuhan hidup manusia	Jumlah individu manusia baru (yang belum terinfeksi) yang masuk ke dalam populasi per satuan waktu tertentu.
A_v	Rate pertumbuhan hidup nyamuk	Jumlah nyamuk baru yang berhasil berkembang biak (dari jentik menjadi nyamuk dewasa) dan masuk ke dalam populasi nyamuk rentan per satuan waktu tertentu.
β_h	Tingkat transmisi dari nyamuk ke manusia	Peluang penularan virus dengue dari nyamuk terinfeksi ke manusia per gigitan.
β_v	Tingkat transmisi dari manusia ke nyamuk	Peluang penularan virus dengue dari manusia terinfeksi ke nyamuk per gigitan.
B	Laju gigitan nyamuk	Rata-rata jumlah gigitan yang dilakukan nyamuk per satuan waktu.
σ_h	Laju inkubasi manusia	Kecepatan perubahan individu dari fase terpapar menjadi terinfeksi.
γ_h	Laju penyembuhan alami manusia (tanpa intervensi)	Laju individu yang sembuh tanpa intervensi medis.
$u(t)$	Kontrol penyembuhan manusia	Tingkat tambahan penyembuhan akibat intervensi medis (terapi atau pengobatan).
μ_h	Laju kematian alami manusia	Proporsi manusia yang meninggal karena sebab alami per satuan waktu.
μ_v	Laju kematian nyamuk	Proporsi nyamuk yang mati secara alami per satuan waktu.

N_h	Populasi total manusia	Jumlah total manusia: $N_h = S_h + E_h + I_h + R_h$.
N_v	Populasi total nyamuk	Jumlah total nyamuk: $N_v = S_v + I_v$.

Parameter $u(t)$ menyatakan tingkat kontrol pengobatan yang diberikan pada individu yang terinfeksi untuk mempercepat proses penyembuhan. Nilai Kontrol dibatasi $0 \leq u(t) \leq u_{\max}$. Ketika $u(t) = 0$, penyembuhan hanya terjadi secara alami dengan laju γ_h . Nilai $u(t)$ dapat berubah terhadap waktu dan akan ditentukan secara optimal menggunakan Prinsip Maksimum Pontryagin. Bila $u(t) > 0$, penyembuhan meningkat akibat intervensi medis atau program pengendalian penyakit.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Titik Keseimbangan Model

Analisis titik keseimbangan pada sistem persamaan diferensial dilakukan untuk menentukan suatu solusi yang nilainya tetap terhadap waktu. Untuk keperluan analisis titik keseimbangan, variabel kontrol $u(t)$ diperlakukan sebagai konstanta $u \geq 0$ sehingga sistem menjadi otonom.

Titik *SEIR-SI* merupakan titik keseimbangan dari Sistem (2.1) jika memenuhi :

$$\frac{dS_h}{dt} = 0, \frac{dE_h}{dt} = 0, \frac{dI_h}{dt} = 0, \frac{dR_h}{dt} = 0, \frac{dS_v}{dt} = 0, \frac{dI_v}{dt} = 0$$

Dengan menyelesaikan persamaan secara bersamaan maka akan diperoleh dua titik keseimbangan, yaitu titik keseimbangan bebas penyakit (E_0), dan titik keseimbangan endemik (E_1).

Titik keseimbangan bebas penyakit $E_0(S_h^* = E_h^* = I_h^* = R_h^* = S_v^* = I_v^*)$ dengan $E_h^* = I_h^* = I_v^* = 0$

Dengan membuat ruas kanan pada model dinamik (2.1) sama dengan 0 diperoleh bahwa titik keseimbangan bebas penyakit adalah:

$$E_0(S_h^* = E_h^* = I_h^* = R_h^* = S_v^* = I_v^*) = \left(\frac{A_h}{\mu_h}, 0, 0, 0, \frac{A_v}{\mu_v}, 0 \right)$$

Jika didefinisikan

$$N_h = \frac{A_h}{\mu_h}, N_v = \frac{A_v}{\mu_v},$$

maka titik keseimbangan bebas penyakit dapat ditulis dalam bentuk

$$E_0(S_h^* = E_h^* = I_h^* = R_h^* = S_v^* = I_v^*) = (N_h, 0, 0, 0, N_v, 0). \quad 3.1$$

Selain kondisi bebas penyakit, terdapat titik kesetimbangan endemik terjadi ketika ada populasi yang menyebarkan Demam Berdarah Dengue. Karena pada kondisi endemik terjadi penyebaran DBD sehingga

$$E_h^{**} > 0, I_h^{**} > 0, I_v^{**} > 0.$$

Untuk mempermudah analisis, kontrol dianggap konstan, yaitu

$$u(t) = u.$$

Adapun titik kesetimbangan endemik untuk model (2.1) yaitu :

$$E_1 = (S_h^{**}, E_h^{**}, I_h^{**}, R_h^{**}, S_v^{**}, I_v^{**}),$$

dengan

$$\begin{aligned} S_h^{**} &= N_h - \frac{K}{\mu_h \sigma_h} I_h^{**}, \\ E_h^{**} &= \frac{\gamma_h + u + \mu_h}{\sigma_h} I_h^{**}, \\ I_h^{**} &= \frac{N_h^2 \mu_h \mu_v (R_0^2 - 1)}{\beta_v B (\beta_h B N_v + \mu_h N_h)}, \\ R_h^{**} &= \frac{\gamma_h + u}{\mu_h} I_h^{**}, \\ S_v^{**} &= \frac{A_v N_h}{\mu_v N_h + \beta_v B I_h^{**}}, \\ I_v^{**} &= \frac{\beta_v B N_v I_h^{**}}{\mu_v N_h + \beta_v B I_h^{**}} \end{aligned}$$

dan

$$K = (\sigma_h + \mu_h)(\gamma_h + u + \mu_h). \quad 3.2$$

Karena semua parameter bernilai positif, maka

$$I_h^{**} > 0 \Leftrightarrow R_0^2 - 1 > 0 \Leftrightarrow R_0 > 1.$$

Dengan demikian, titik kesetimbangan endemik E_1 ada secara biologis jika dan hanya jika $R_0 > 1$.

3.2 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi atau dalam bahasa asing disebut *Basic Reproduction Number* (R_0) ialah nilai harapan banyaknya jumlah infeksi per satuan waktu di mana infeksi yang terjadi pada populasi dikarenakan terinfeksinya satu individu. Pada penelitian ini, nilai R_0 ditentukan dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Karena penularan penyakit pada model SEIR-SI terjadi melalui kompartemen manusia terpapar (E_h), manusia terinfeksi (I_h), dan nyamuk terinfeksi (I_v), maka sub-sistem yang digunakan dalam penentuan R_0 adalah sub-sistem yang memuat ketiga kompartemen tersebut.

Menurut metode *Next Generation Matrix*, sistem di atas dapat dituliskan dalam bentuk

$$\frac{dx}{dt} = \mathcal{F}(x) - \mathcal{V}(x),$$

JURNAL MATEMATIKA, STATISTIKA, DAN KOMPUTASI

Rido Evendi Tarigan, Pardomuan Sitompul

dengan $\mathcal{F}(x)$ menyatakan laju munculnya infeksi baru dan $\mathcal{V}(x)$ menyatakan laju perpindahan individu antar kompartemen infeksi selain karena infeksi baru.

Berdasarkan sistem tersebut, infeksi baru hanya muncul pada kompartemen E_h dan I_v . Oleh karena itu, diperoleh

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} F_1 \\ F_2 \\ F_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_h B S_h I_v}{N_h} \\ 0 \\ \frac{\beta_v B S_v I_h}{N_h} \end{pmatrix}, \mathcal{V} = \begin{pmatrix} V_1 \\ V_2 \\ V_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (\sigma_h + \mu_h) E_h \\ -\sigma_h E_h + (\gamma_h + u + \mu_h) I_h \\ \mu_v I_v \end{pmatrix}$$

Selanjutnya, dilakukan linearisasi terhadap vektor $\mathcal{F}$ dan vektor $\mathcal{V}$ melalui pembentukan matriks Jacobian yang dievaluasi pada titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (N_h, 0, 0, 0, N_v, 0)$. Dengan mensubstitusi nilai $S_h = N_h$ dan $S_v = N_v$, maka diperoleh matriks F dan V :

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial E_h} & \frac{\partial F_1}{\partial I_h} & \frac{\partial F_1}{\partial I_v} \\ \frac{\partial F_2}{\partial E_h} & \frac{\partial F_2}{\partial I_h} & \frac{\partial F_2}{\partial I_v} \\ \frac{\partial F_3}{\partial E_h} & \frac{\partial F_3}{\partial I_h} & \frac{\partial F_3}{\partial I_v} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \beta_h B \frac{N_h}{N_h} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_v B \frac{N_v}{N_h} & 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \beta_h B \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta_v B N_v}{N_h} & 0 \end{pmatrix}$$

$$V = \begin{pmatrix} \frac{\partial V_1}{\partial E_h} & \frac{\partial V_1}{\partial I_h} & \frac{\partial V_1}{\partial I_v} \\ \frac{\partial V_2}{\partial E_h} & \frac{\partial V_2}{\partial I_h} & \frac{\partial V_2}{\partial I_v} \\ \frac{\partial V_3}{\partial E_h} & \frac{\partial V_3}{\partial I_h} & \frac{\partial V_3}{\partial I_v} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_h + \mu_h & 0 & 0 \\ -\sigma_h & \gamma_h + u + \mu_h & 0 \\ 0 & 0 & \mu_v \end{pmatrix}$$

$$\text{Adj}(V) = \begin{pmatrix} bc & 0 & 0 \\ \sigma_h c & ac & 0 \\ 0 & 0 & ab \end{pmatrix}$$

Menentukan Matriks Invers (V^{-1}):

$$V^{-1} = \frac{1}{\text{Det}(V)} \text{Adj}(V) = \frac{1}{abc} \begin{pmatrix} bc & 0 & 0 \\ \sigma_h c & ac & 0 \\ 0 & 0 & ab \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{1}{a} & 0 & 0 \\ \frac{\sigma_h}{ab} & \frac{1}{b} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{c} \end{pmatrix}$$

Menentukan *Next Generation Matrix* (NGM) ($K = FV^{-1}$):

$$K = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \beta_h B \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta_v B N_v}{N_h} & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{a} & 0 & 0 \\ \frac{\sigma_h}{ab} & \frac{1}{b} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{c} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \frac{\beta_h B}{c} \\ 0 & 0 & 0 \\ \frac{\sigma_h \beta_v B N_v}{N_h ab} & \frac{\beta_v B N_v}{N_h b} & 0 \end{pmatrix}$$

Menentukan Nilai Eigen (λ):

Nilai eigen diperoleh melalui persamaan karakteristik $|K - \lambda I| = 0$:

$$\begin{vmatrix} -\lambda & 0 & \frac{\beta_h B}{c} \\ 0 & -\lambda & 0 \\ \frac{\sigma_h \beta_v B N_v}{N_h ab} & \frac{\beta_v B N_v}{N_h b} & -\lambda \end{vmatrix} = 0$$

Dengan menggunakan ekspansi kofaktor pada baris kedua, diperoleh:

$$\begin{aligned} -\lambda \begin{vmatrix} -\lambda & \frac{\beta_h B}{c} \\ \frac{\sigma_h \beta_v B N_v}{N_h ab} & -\lambda \end{vmatrix} &= 0 \\ -\lambda \left(\lambda^2 - \left(\frac{\beta_h B}{c} \cdot \frac{\sigma_h \beta_v B N_v}{N_h ab} \right) \right) &= 0 \\ -\lambda \left(\lambda^2 - \frac{\sigma_h \beta_h \beta_v B^2 N_v}{N_h abc} \right) &= 0 \end{aligned}$$

Berdasarkan hasil pemfaktoran persamaan di atas, diperoleh tiga nilai eigen yaitu:

$$\lambda_1 = 0, \lambda_{2,3} = \pm \sqrt{\frac{\sigma_h \beta_h \beta_v B^2 N_v}{N_h abc}}$$

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0) yang merupakan jari-jari spektral (nilai eigen positif terbesar) dari matriks K adalah λ_2 . Dengan mensubstitusi kembali nilai a, b , dan c , serta mengeluarkan variabel B dari dalam akar, diperoleh bilangan reproduksi dasar model $SEIR-SI$ pada penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan pengaruh penyembuhan adalah :

$$R_0 = \rho(K) = \sqrt{\frac{\sigma_h \beta_h \beta_v B^2 N_v}{N_h \mu_v (\sigma_h + \mu_h) (\gamma_h + u + \mu_h)}}$$

3.3 Analisis Kestabilan dengan Kriteria Routh-Hurwitz

Untuk menganalisis kestabilan pada titik kesetimbangan model $SEIR-SI$, dilakukan linearisasi. Linearisasi dilakukan dengan mengubah system persamaan nonlinier menjadi linier. Terlebih dahulu kontrol dianggap konstan, yaitu

$$u(t) = u.$$

Selanjutnya terhadap $S_h, E_h, I_h, R_h, S_v, I_v$ dengan matriks Jacobian sebagai berikut :

Misalkan

$$\begin{aligned}
 f_1 &= A_h - \frac{\beta_h B S_h I_v}{N_h} - \mu_h S_h, \\
 f_2 &= \frac{\beta_h B S_h I_v}{N_h} - (\sigma_h + \mu_h) E_h, \\
 f_3 &= \sigma_h E_h - (\gamma_h + u + \mu_h) I_h, \\
 f_4 &= (\gamma_h + u) I_h - \mu_h R_h, \\
 f_5 &= A_v - \frac{\beta_v B S_v I_h}{N_h} - \mu_v S_v, \\
 f_6 &= \frac{\beta_v B S_v I_h}{N_h} - \mu_v I_v.
 \end{aligned}$$

Diperoleh matriks sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
 &J(S_h, E_h, I_h, R_h, S_v, I_v) \\
 &= \begin{bmatrix} -\frac{\beta_h B I_v}{N_h} - \mu_h & 0 & 0 & 0 & 0 & -\frac{\beta_h B S_h}{N_h} \\ \frac{\beta_h B I_v}{N_h} & -(\sigma_h + \mu_h) & 0 & 0 & 0 & \frac{\beta_h B S_h}{N_h} \\ 0 & \sigma_h & -(\gamma_h + u + \mu_h) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_h + u(t) & -\mu_h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{\beta_v B S_v}{N_h} & 0 & -\frac{\beta_v B I_h}{N_h} - \mu_v & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta_v B S_v}{N_h} & 0 & \frac{\beta_v B I_h}{N_h} & -\mu_v \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

3.3.1 Kestabilan Titik Keseimbangan Bebas Penyakit (E_0)

Teorema 1. Titik keseimbangan bebas penyakit E_0 bersifat stabil asimtotik local jika dan hanya jika $R_0 < 1$

Bukti. Substitusi $E_0 = (N_h, 0, 0, 0, N_v, 0)$ ke dalam matriks Jacobian menghasilkan dua nilai eigen trivial $\lambda = -\mu_h$ (multiplisitas 2) dan $\lambda = -\mu_v$, yang semuanya bernilai negative . Persamaan karakteristik yang tersisa adalah polinom kubik :

$$\lambda^3 + a_1 \lambda^2 + a_2 \lambda + a_3 = 0 \quad 3.3$$

dengan

$$\begin{aligned}
 a_1 &= (\sigma_h + \mu_h) + (\gamma_h + u + \mu_h) + \mu_v, \\
 a_2 &= (\sigma_h + \mu_h)(\gamma_h + u + \mu_h) + (\sigma_h + \mu_h)\mu_v + (\gamma_h + u + \mu_h)\mu_v, \\
 a_3 &= (\sigma_h + \mu_h)(\gamma_h + u + \mu_h)\mu_v - \frac{\beta_h \beta_v B^2 \sigma_h N_v}{N_h}.
 \end{aligned}$$

syarat perlu dan cukup agar semua akar mempunyai bagian real negatif adalah $a_1 > 0, a_2 > 0, a_3 > 0, a_1 a_2 - a_3 > 0$. Jelas bahwa $a_1 > 0, a_2 > 0$, karena semua parameter model bernilai positif. Syarat Routh-Hurwitz yang tersisa $a_3 > 0 \Leftrightarrow 1 - R_0^2 > 0 \Leftrightarrow R_0 < 1$. Kondisi $a_1 a_2 - a_3 > 0$ terpenuhi secara otomatis karena seluruh suku hasil ekspansinya merupakan monom positif dari parameter model (terbukti dengan substitusi $p = \sigma_h + \mu_h, q = \gamma_h + u + \mu_h, r = \mu_v$). Jadi seluruh syarat Routh-Hurwitz terpenuhi jika dan hanya jika $R_0 < 1$.

3.3.2 Kestabilan Titik Keseimbangan Endemik (E_1)

Teorema 2. *Titik kesetimbangan endemic E_1 , ada secara biologis dan bersifat stabil asimtotik lokal jika dan hanya jika $R_0 > 1$.*

Bukti. Eksistensi biologis E_1 (yakni $I_h^{**} > 0$) langsung mengimplikasikan $R_0 > 1$ dari persamaan 3.2. Substitusi E_1 kedalam matriks Jacobian menghasilkan nilai eigen trivial $\lambda = -\mu_h$, sementara bagian nontrivial memenuhi polinom berorde empat :

$$\lambda^4 + b_1 \lambda^3 + b_2 \lambda^2 + b_3 \lambda + b_4 = 0 \quad 3.4$$

dengan koefisien, yang bergantung pada parameter di titik E_1 . Untuk menyederhanakan, misalkan

$$x = \frac{\beta_h B I_v^{**}}{N_h}; y = \frac{\beta_v B I_h^{**}}{N_h}; p = \sigma_h + \mu_h; q = \gamma_h + u + \mu_h$$

Sehingga :

$$b_1 = (\mu_h + x) + p + q + (\mu_v + y),$$

$$b_2 = (\mu_h + x)p + (\mu_h + x)q + (\mu_h + x)(\mu_v + y) + pq + p(\mu_v + y) + q(\mu_v + y),$$

$$b_3 = (\mu_h + x)pq + (\mu_h + x)p(\mu_v + y) + (\mu_h + x)q(\mu_v + y) + pq(\mu_v + y) - \mu_v pq,$$

$$b_4 = (\mu_h + x)pq(\mu_v + y) - \mu_h \mu_v pq.$$

Jadi diperoleh $b_1 > 0, b_2 > 0, b_3 > 0, b_4 > 0$. Syarat Routh-Hurwitz untuk polinom orde empat mensyaratkan determinan Hurwitz $\Delta_1 = b_1 > 0; \Delta_2 = b_1 b_2 - b_3 > 0; \Delta_3 = b_1 b_2 b_3 - b_1^2 b_4 - b_3^2 > 0; \Delta_4 = b_4 \Delta_3 > 0$. Karena $b_i > 0$ untuk $i = 1, 2, 3, 4$ maka $\Delta_1 = b_1 > 0$. Dengan ekspansi langsung dapat ditunjukkan bahwa Δ_2, Δ_3 , dan Δ_4 pun bernilai positif, karena seluruh koefisiennya merupakan monom positif dari μ_h, μ_v, p, q, x, y yang semuanya positif saat $R_0 > 1$. Dengan demikian E_1 stabil asimtotik lokal jika $R_0 > 1$.

3.4 Kontrol Optimal

3.4.1 Formulasi Kontrol Optimal

Variabel kontrol $u(t)$ merepresentasikan intervensi medis yang diberikan kepada individu terinfeksi untuk mempercepat proses penyembuhan individu terinfeksi, dengan batasan $0 \leq u(t) \leq$

u_{max} . Tujuan kontrol optimal adalah meminimalkan jumlah manusia terinfeksi, meminimalkan jumlah nyamuk terinfeksi, dan sekaligus meminimalkan biaya penerapan kontrol penyembuhan pada selang waktu $[0, T]$. Oleh karena itu, fungsi tujuan didefinisikan sebagai :

$$J(u) = \int_0^T \left[w_1 I_h(t) + w_2 I_v(t) + \frac{w_3}{2} u^2(t) \right] dt \quad 3.5$$

dengan $w_1 > 0, w_2 > 0, w_3 > 0$.

Di sini:

w_1 : bobot untuk jumlah manusia terinfeksi,

w_2 : bobot untuk jumlah nyamuk terinfeksi,

w_3 : bobot biaya kontrol,

T : horizon waktu pengendalian.

Himpunan kontrol yang diperbolehkan didefinisikan sebagai

$$U = \{u(t) \mid u(t) \text{ terukur}, 0 \leq u(t) \leq u_{max}, 0 \leq t \leq T\},$$

3.4.2 Fungsi Hamiltonian dan Persamaan Adjoint

Menurut Prinsip Maksimum Pontryagin, untuk menyelesaikan masalah minimisasi, dibentuk fungsi Hamiltonian

$$H = L + \lambda_1 f_1 + \lambda_2 f_2 + \lambda_3 f_3 + \lambda_4 f_4 + \lambda_5 f_5 + \lambda_6 f_6, \quad 3.6$$

dengan

$$L = w_1 I_h + w_2 I_v + \frac{w_3}{2} u^2,$$

Di sini $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_6$ adalah variabel adjoint atau costate yang bersesuaian dengan $S_h, E_h, I_h, R_h, S_v, I_v$ dan $f_1, f_2, \dots, f_6$ adalah ruas kanan sistem keadaan pada Persamaan 2.1. Persamaan adjoint

$\dot{\lambda}_i(t) = -\frac{\partial H}{\partial x_i}, i = 1, 2, \dots, 6$, dengan kondisi transversal $\dot{\lambda}_i(T) = 0$ adalah :

$$\dot{\lambda}_1 = -\frac{\partial H}{\partial S_h} = \mu_h \lambda_1 + \frac{\beta_h B I_v}{N_h} (\lambda_1 - \lambda_2).$$

$$\dot{\lambda}_2 = -\frac{\partial H}{\partial E_h} = (\sigma_h + \mu_h) \lambda_2 - \sigma_h \lambda_3.$$

$$\dot{\lambda}_3 = -\frac{\partial H}{\partial I_h} = -w_1 + (\gamma_h + u + \mu_h) \lambda_3 - (\gamma_h + u) \lambda_4 + \frac{\beta_v B S_v}{N_h} (\lambda_5 - \lambda_6).$$

$$\dot{\lambda}_4 = -\frac{\partial H}{\partial R_h} = \mu_h \lambda_4.$$

$$\dot{\lambda}_5 = -\frac{\partial H}{\partial S_v} = \mu_v \lambda_5 + \frac{\beta_v B I_h}{N_h} (\lambda_5 - \lambda_6).$$

$$\lambda_6 = -\frac{\partial H}{\partial I_v} = -w_2 + \frac{\beta_h B S_h}{N_h} (\lambda_1 - \lambda_2) + \mu_v \lambda_6$$

3.4.3 Karakterisasi Kontrol Optimal

Dengan mensyaratkan $\frac{\partial H}{\partial u} = 0$, diperoleh $w_3 u - \lambda_3 I_h + \lambda_4 I_h = 0$. Dengan memproyeksikan ke himpunan admissible karakterisasi kontrol optimal :

$$u^*(t) = \min \left\{ u_{\max}, \max \left\{ 0, \frac{(\lambda_3(t) - \lambda_4(t)) I_h(t)}{w_3} \right\} \right\} \quad 3.7$$

Dengan demikian, kontrol optimal diperoleh dari penyelesaian sistem keadaan adjoint secara simultan pada selang waktu $[0, T]$. Secara numerik, sistem ini biasanya diselesaikan dengan metode Forward-Backward Sweep, yaitu menyelesaikan sistem keadaan maju dari $t = 0$ ke $t = T$, lalu sistem adjoint mundur dari $t = T$ ke $t = 0$, kemudian memperbarui kontrol menggunakan Persamaan (3.7) hingga konvergen.

3.5 Simulasi Numerik

Program simulasi dikembangkan menggunakan bahasa pemrograman Python dengan solver RK45 dari pustaka SciPy untuk menyelesaikan sistem persamaan diferensial, serta metode Forward-Backward Sweep untuk menyelesaikan sistem optimalitas kontrol.

3.5.1 Parameter dan Nilai Awal Simulasi

Adapun nilai awal untuk populasi yang digunakan dalam penelitian ini adalah data dari penelitian [15], yaitu $S_h(0) = 3.000.000, E_h(0) = 200.000, I_h(0) = 10.000, R_h(0) = 9.000, S_v(0) = 5.000, I_v(0) = 3.500$, sehingga diperoleh total populasi manusia $N_h = 3.219.000$ dan total populasi nyamuk $N_v = 8.500$. Nilai parameter model yang digunakan ditampilkan pada Tabel 3.2.

Parameter bobot fungsi tujuan ditetapkan sebagai $w_1 = 1, w_2 = 1$, dan $w_3 = 0,5$, dengan batas maksimum kontrol $u_{\max} = 0,9$. Horizon waktu simulasi adalah $T = 12$ bulan. Karena laju rekrutmen A_h dan A_v tidak tercantum secara eksplisit dalam sumber acuan, kedua nilai tersebut

diturunkan dari syarat kesetimbangan bebas penyakit, yaitu $A_h = \mu_h \times N_h = \frac{3.862,8}{\text{bulan}}$ dan $A_v = \mu_v \times N_v = \frac{7.285,35}{\text{bulan}}$.

JURNAL MATEMATIKA, STATISTIKA, DAN KOMPUTASI

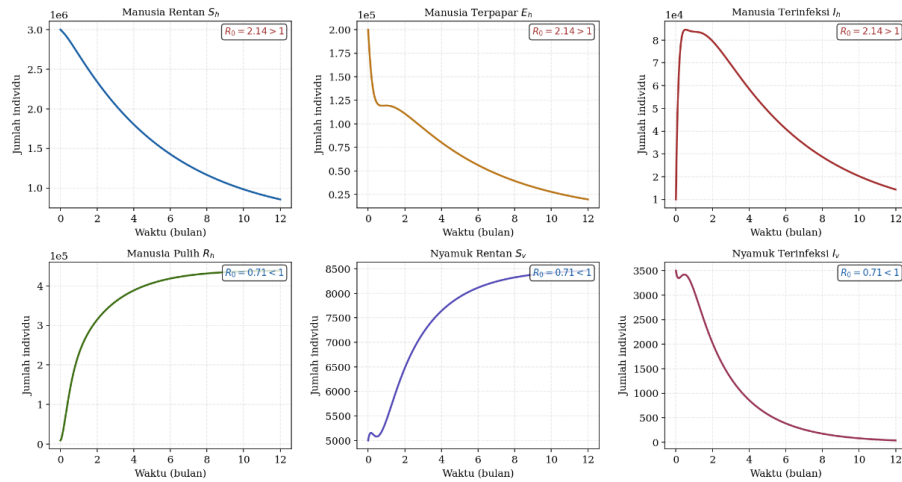
Rido Evendi Tarigan, Pardomuan Sitompul

Tabel 3.1 Nilai Parameter Model *SEIR-SI* DBD

Simbol	Deskripsi	Nilai	Satuan	Sumber (penulis jurnal)
B	Laju gigitan nyamuk	300	per bulan	[15]
β_h	Peluang transmisi dari nyamuk ke manusia per gigitan	0,2365		[15]
β_v	Peluang transmisi dari manusia ke nyamuk per gigitan	0,3000		[15]
σ_h	Laju inkubasi manusia (E→I)	3.000	per bulan	[15]
γ_h	Laju penyembuhan alami manusia	4.2857	per bulan	[15]
μ_h	Laju kematian alami manusia	0.0012	per bulan	[15]
μ_v	Laju kematian alami nyamuk	0.8571	per bulan	[15]
A_h	Rate pertumbuhan hidup manusia	3.862,8	per bulan	
A_v	Rate pertumbuhan hidup nyamuk	7.285,35	per bulan	

3.5.2 Simulasi Analisis Kestabilan

Simulasi kestabilan dilakukan untuk dua skenario: skenario endemik dengan laju gigitan nyamuk $B = 300$ per bulan yang menghasilkan $R_0 = 2,1418 > 1$, dan skenario bebas penyakit dengan $B = 100$ per bulan yang menghasilkan $R_0 = 0,7139 < 1$, pada kedua skenario tidak diberikan intervensi medis ($u = 0$).



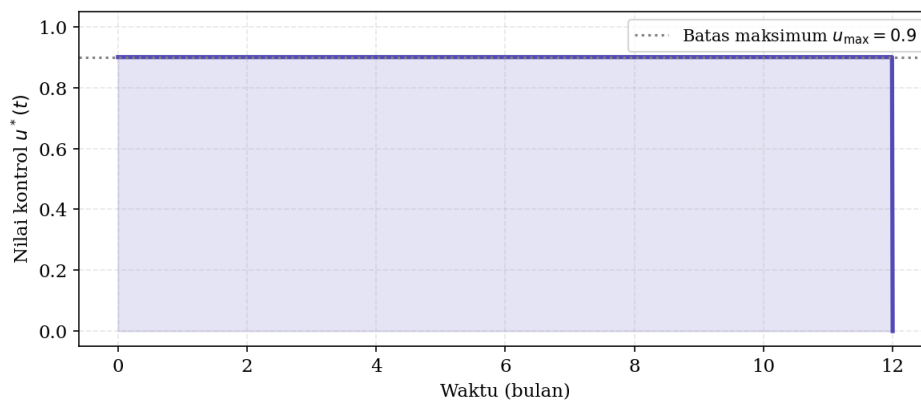
Gambar 3.1 Dinamika Kompartemen Model SEIR-SI: Panel kiri menunjukkan skenario endemic ($R_0 = 2,14 > 1, B = 300$); panel kanan menunjukkan skenario bebas penyakit ($R_0 = 0,71 < 1, B = 100$). Simulasi dilakukan tanpa intervensi medis ($u = 0$) selama $T = 12$ bulan

3.5.3 Simulasi Kontrol Optimal

Simulasi kontrol optimal dilakukan pada kondisi endemik $B = 300, R_0 = 2,1418 > 1$, Algoritma Forward-Backward Sweep berhasil konvergen pada iterasi ke-20 dengan galat akhir sebesar $9,54 \times 10^{-7}$ ($< \text{toleransi } 10^{-6}$).

Profil Kontrol Optimal $u(t)$

Hasil simulasi menunjukkan bahwa kontrol optimal $u(t)$ berada pada nilai mendekati $u_{\max} = 0,9$ hampir sepanjang periode pengendalian, dengan nilai rata-rata $u(t)$ sebesar 0,8992. Secara spesifik, $u(t) \approx 0,9$ pada rentang $t = 0$ hingga $t \approx 11$ bulan, kemudian turun mendekati nol pada akhir periode ($t = 12$ bulan).



JURNAL MATEMATIKA, STATISTIKA, DAN KOMPUTASI

Rido Evendi Tarigan, Pardomuan Sitompul

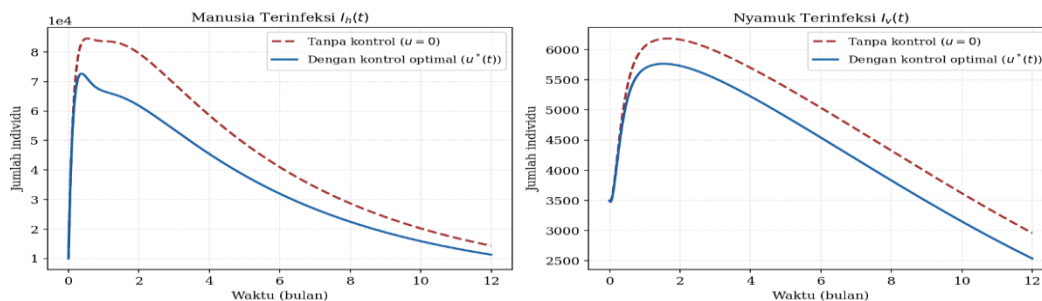
Gambar 3.2 Profil Kontrol Optimal $u(t)$ Hasil Forward-Backward Sweep. Nilai $u(t) \approx 0,9$ hampir sepanjang periode, menunjukkan perlunya intervensi medis intensif yang berkelanjutan.

Perbandingan Dinamika $I_h(t)$ dan $I_v(t)$ dengan dan Tanpa Kontrol

Tabel 3.2 Perbandingan Tanpa Kontrol dan Dengan Kontrol Optimal

Indikator	Tanpa Kontrol ($u=0$)	Dengan Kontrol Optimal $u(t)$	Reduksi
Puncak $I_h(t)$	84.572 jiwa	72.686 jiwa	14,05%
Nilai I_h akhir ($t=12$)	14.342 jiwa	11.306 jiwa	21,17%
Total kumulatif I_h (orang·bulan)	546.596	432.210	20,93%
Puncak $I_v(t)$	6.186 ekor	5.767 ekor	6,78%
Nilai $I_v(t)$ akhir ($t=12$)	2.958 ekor	2.535 ekor	14,30%
Total kumulatif I_v (nyamuk·bulan)	57.801	52.452	9,25%
Rata-rata $u(t)$	0 (tidak ada)	0,8992	—

Berdasarkan tabel di atas, penerapan kontrol optimal mampu mereduksi puncak jumlah manusia terinfeksi sebesar 14,05%, dari 84.572 jiwa menjadi 72.686 jiwa. Lebih signifikan lagi, total beban penyakit kumulatif ($I_h(t)$) berkurang sebesar 20,93%, dari 546.596 orang/bulan menjadi 432.210 orang/bulan. Penurunan kumulatif ini merepresentasikan pengurangan total 114.386 orang·bulan dalam beban penyakit selama periode 12 bulan.



Gambar 3.3 Perbandingan Dinamika Penyakit: (kiri) $I_h(t)$ dan (kanan) $I_v(t)$ pada skenario tanpa kontrol ($u=0$, garis putus merah) dan dengan kontrol optimal $u(t)$ (garis biru). Kontrol optimal secara konsisten menekan jumlah individu terinfeksi sepanjang periode simulasi.

4. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis dan pembahasan yang telah dilakukan pada penelitian ini, diperoleh tiga kesimpulan utama. Pertama, model matematika penyebaran DBD dikonstruksi adalah model SEIR-SI dengan enam kompartemen : Model matematika penyebaran penyakit demam berdarah dengue yang dikonstruksi dalam penelitian ini adalah model *SEIR-SI* yang terdiri dari enam kompartemen, yaitu manusia rentan (S_h), manusia terpapar (E_h), manusia terinfeksi (I_h), manusia pulih (R_h), nyamuk rentan (S_v), dan nyamuk terinfeksi (I_v). Model ini merupakan pengembangan dari model *SIR-SI* dengan dua modifikasi utama: penambahan kompartemen E_h untuk mengakomodasi masa inkubasi virus dengue pada manusia, serta penambahan variabel kontrol $u(t)$ yang merepresentasikan intervensi medis berupa percepatan penyembuhan individu terinfeksi. Bilangan reproduksi dasar yang diperoleh melalui metode *Next Generation Matrix* dengan dua titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (N_h, 0, 0, 0, N_v, 0)$ dan titik kesetimbangan endemik $E_1 = (S_h^{**}, E_h^{**}, I_h^{**}, R_h^{**}, S_v^{**}, I_v^{**})$.

Kedua, Analisis kestabilan dilakukan melalui linearisasi menggunakan matriks Jacobian dan kriteria kestabilan Routh-Hurwitz. Titik kesetimbangan bebas penyakit E_0 bersifat stabil asimtotik lokal jika dan hanya jika $R_0 < 1$. Kondisi ini berarti bahwa satu individu terinfeksi rata-rata hanya menginfeksi kurang dari satu individu lain, sehingga penyakit secara bertahap akan menghilang dari populasi. Sebaliknya, titik kesetimbangan endemik E_1 ada secara biologis dan bersifat stabil asimtotik lokal jika dan hanya jika $R_0 > 1$. Hal ini berarti bahwa ketika satu individu terinfeksi mampu menginfeksi lebih dari satu individu lain, penyakit akan menetap dan menjadi endemik dalam populasi. Hasil analisis kestabilan ini dikonfirmasi secara numerik melalui simulasi : skenario endemik ($B = 300, R_0 = 2,1418 > 1$) dan skenario bebas penyakit ($B = 100, R_0 = 0,7139 < 1$), keduanya konsisten dengan prediksi teoritis.

Ketiga, penerapan kontrol optimal dilakukan menggunakan Prinsip Maksimum Pontryagin dengan fungsi tujuan yang meminimalkan jumlah manusia terinfeksi $I_h(t)$, nyamuk terinfeksi $I_v(t)$, dan biaya penerapan intervensi medis $u(t)$ secara simultan selama horizon waktu $[0, T]$:

$$J(u) = \int_0^T \left[w_1 I_h(t) + w_2 I_v(t) + \frac{w_3}{2} u^2(t) \right] dt.$$

Simulasi numerik menggunakan metode *Forward-Backward Sweep* dengan parameter $w_1 = w_2 = 1$, $w_3 = 0,5$, $u_{\max} = 0,9$, dan $T = 12$ bulan menunjukkan bahwa algoritma konvergen pada iterasi ke-20. Hasil perbandingan antara skenario tanpa kontrol ($u = 0$) dan dengan kontrol optimal ($u^*(t)$) menunjukkan bahwa puncak jumlah manusia terinfeksi $I_h(t)$ berkurang sebesar 14,05%, dari 84.572 jiwa menjadi 72.686 jiwa; total beban penyakit kumulatif berkurang sebesar 20,93%, dari 546.596 orang·bulan menjadi 432.210 orang·bulan; puncak jumlah nyamuk terinfeksi $I_v(t)$ berkurang sebesar 6,78%, dari 6.186 ekor menjadi 5.767 ekor. Profil $u^*(t)$ yang hampir selalu berada di nilai maksimum (0,9) sepanjang 11 dari 12 bulan menunjukkan bahwa intervensi medis yang intensif dan berkelanjutan bukan hanya responsif saat wabah puncak merupakan strategi optimal untuk menekan penyebaran DBD dalam kondisi endemik.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Aziim, S. A. Al, & Arif, D. K., 2022. Kontrol Optimal Penyebaran Penyakit Demam Berdarah dengan Pengaruh Penyemprotan Insektisida Dan Pengobatan. *Jurnal Sains Dan Seni ITS*, 11(2),

- 2337–3520. <https://doi.org/10.12962/j23373520.v11i2.75468>.
- [2] Chamnan, A., Pongsumpun, P., Tang, I. M., & Wongvanich, N., 2021. Optimal control of dengue transmission with vaccination. *Mathematics*, 9(15), 1–33. <https://doi.org/10.3390/math9151833>
 - [3] Diana, A. F., Hajar, M. I., Ikhtiyar, Z. B., & Aulia, L., 2024. Analisis Kestabilan Lokal Model Transmisi Demam Berdarah Dengue. *Square : Journal of Mathematics and Mathematics Education*, 6(1), 41–54. <https://doi.org/10.21580/square.2024.6.1.21018>
 - [4] Harianto, J., & Tutuop, K. L., 2023. Stability Analysis of the SIR-SI Model for Dengue Fever Transmission with Saturated Birth Rate. *Jurnal Matematika, Statistika Dan Komputasi*, 20(1), 245–257. <https://doi.org/10.20956/j.v20i1.27746>
 - [5] Herdicho, F. F., Fatmawati, F., Alfiniyah, C., Rois, M. A., Martini, S., Aldila, D., & Nyabadza, F., 2025. Optimal control of dengue hemorrhagic fever model by classifying sex in West Java Province, Indonesia. *Scientific Reports*, 15(1), 1–20. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-01742-4>
 - [6] Imran, M., McKinney, B. A., Butt, A. I. K., Palumbo, P., Batool, S., & Aftab, H., 2025. Optimal Control Strategies for Dengue and Malaria Co-Infection Disease Model. *Mathematics*, 13(1), 1–15. <https://doi.org/10.3390/math13010043>
 - [7] Inayah, N., Manaqib, M., Fitriyati, N., Yunita Wijaya, M., Fiade, A., & Ratna Sari, F., 2025. The Analysis of Epidemic Dynamical Models for Dengue Transmission Considering the Mosquito Aquatic Phase. *Jambura Journal of Biomathematics*, 6(3), 173–182.
 - [8] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia., 2024. *Waspada penyakit di musim hujan*. Kementerian Kesehatan RI.
 - [9] Li, M. Y., 2018. An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases. *Springer International Publishing*. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-72122-4>
 - [10] Pandey, H. R., Phaijoo, G. R., & Gurung, D. B., 2024. Dengue dynamics in Nepal: A Caputo fractional model with optimal control strategies. *Heliyon*, 10(13), e33822. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e33822>
 - [11] Puspita, K. G., & Abadi., 2023. ANALISIS KESTABILANMODEL MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE DENGAN PENGARUH TREATMENTDAN FOGGING Kharisma. *Jurnal Ilmiah Matematika*, 11(03), 318–327.
 - [12] Widodo, B., Asiyah, N., Rahma, A., Kamiran, K., & Imron, C., 2024. Optimal Control of the Spread of Dengue Fever by Controlling the Vectors Growth Affected by Climate Change and Treatment. *International Journal of Computing Science and Applied Mathematics*, 10(2), 93. <https://doi.org/10.12962/j24775401.v10i2.21951>
 - [13] World Health Organization., 2024. *Berita wabah penyakit demam berdarah situasi global*. WHO.
 - [14] Wulandari, T., & Nanda, M., 2025. HUBUNGAN FAKTOR LINGKUNGAN FISIK DAN PRAKTIK PEMBERANTASAN NYAMUK AEDES AEGYPTI DENGAN KEJADIAN DEMAM BERDARAH DENGUE (DBD) DI WILAYAH KERJA PUSKESMAS MEDAN HELVETIA. *JURNAL KESEHATAN TAMBUSAI*, 6(4), 15813–15827.
 - [15] Yagan, A. J. C., & Jasmine, D., 2024. Mathematical Modeling and its Stability Analysis of an SEIR Model to Control Dengue by Segregating the Infective: An Approach for Efficient Resource Allocation. *Indian Journal Of Science And Technology*, 17(17), 1800–1812. <https://doi.org/10.17485/ijst/v17i17.247>