JURNAL TEKNIK INFORMATIKA DAN MULTIMEDIA Vol 6, No.2, Oktober 2026, pp. 199 - 213
p-ISSN : 2808-909X (print)
e-ISSN : 2798-2505 (online)
http://journal.politeknik-pratama.ac.id/index.php/JTIM · page 199
DOI : https://doi.org/10.51903/informatika.v6i2.1977

ANALISIS KOMPARATIF MODEL SIR NON-LINIER DBD DI SIMALUNGUN DAN DAIRI

Jhon Gabriel Simarmata[1*], Zulfahmi Indra[2], Andika Veriando Saragih[3]
[1] Universitas Negeri Medan
Jl. Willem Iskandar / Pasar V, Medan Estate, 20221, e-mail: rielsimarmata06@gmail.com
[2] Universitas Negeri Medan
Jl. Willem Iskandar / Pasar V, Medan Estate, 20221, e-mail: zulfahmi.indra@unimed.ac.id
[3]Universitas Negeri Medan
Jl. Willem Iskandar / Pasar V, Medan Estate, 20221, e-mail: andikaandikarr@gmail.com
[*] coresspondence

ARTICLE INFO

Article history:

Received 10 July 2026
Received in revised form 20 August 2026
Accepted 15 September 2026
Available online 15 October 2026

ABSTRACT

Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) exhibits different transmission dynamics across regions. This study aims to comparatively analyze the simulated spread of DHF in Simalungun Regency and Dairi Regency using a nonlinear *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR) model. Dengue incidence-rate data from 2024 were used to determine the initial conditions on a normalized population basis of 100,000 inhabitants. The SIR system was solved numerically using the second-order Heun method with a one-day time step over a 160-day simulation period. The analysis included the basic reproduction number (R_0), *Herd Immunity Threshold* (HIT), compartment dynamics, infection peak, peak time, and numerical accuracy evaluation against a reference RK45 solution. The simulation results showed that Simalungun, with $\beta = 0.28$ and $\gamma = 0.05$, produced $R_0 = 5.60$, an HIT of 82.14%, and an infection peak of 51,290.91 on day 39. Dairi, with $\beta = 0.22$ and $\gamma = 0.05$, produced $R_0 = 4.40$, an HIT of 77.27%, and an infection peak of 43,604.73 on day 44. Numerical evaluation resulted in MAPE values of 1.12% for Simalungun and 0.56% for Dairi. The results indicate that differences in the transmission rate affect the magnitude and timing of the infection peak under the model scenarios considered.

Keywords: dengue hemorrhagic fever, SIR model, Heun method, R_0, numerical simulation.

Received July 10, 2026; Accepted September 8, 2026; Available online October 15, 2026

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

Abstrak

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan penyakit menular yang memiliki dinamika penyebaran berbeda antarwilayah. Penelitian ini bertujuan menganalisis secara komparatif dinamika penyebaran DBD di Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi menggunakan model *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR) non-linier. Data angka kesakitan DBD tahun 2024 digunakan untuk menentukan kondisi awal model pada basis populasi 100.000 penduduk. Sistem SIR diselesaikan secara numerik menggunakan Metode Heun orde dua dengan ukuran langkah satu hari selama 160 hari. Analisis mencakup bilangan reproduksi dasar (R_0), *Herd Immunity Threshold* (HIT), dinamika kompartemen, puncak infeksi, waktu puncak, serta evaluasi ketelitian numerik terhadap solusi referensi RK45. Hasil simulasi menunjukkan bahwa Simalungun dengan $\beta = 0{,}28$ dan $\gamma = 0{,}05$ menghasilkan $R_0 = 5{,}60$, HIT sebesar 82,14%, serta puncak infeksi 51.290,91 pada hari ke-39. Dairi dengan $\beta = 0{,}22$ dan $\gamma = 0{,}05$menghasilkan $R_0 = 4{,}40$, HIT sebesar 77,27%, serta puncak infeksi 43.604,73 pada hari ke-44. Evaluasi numerik menghasilkan MAPE sebesar 1,12% untuk Simalungun dan 0,56% untuk Dairi. Hasil menunjukkan bahwa perbedaan laju transmisi berpengaruh terhadap tinggi dan waktu puncak infeksi pada skenario model yang digunakan.
Kata Kunci: DBD, model SIR, metode Heun, R_0, simulasi numerik

1. PENDAHULUAN

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan salah satu penyakit menular yang masih menjadi permasalahan kesehatan di wilayah tropis, termasuk Indonesia. Penyebaran DBD memiliki karakteristik yang berbeda antarwilayah karena dapat dipengaruhi oleh kondisi lingkungan, kepadatan penduduk, keberadaan vektor, serta karakteristik transmisi penyakit. Di Sumatera Utara, kejadian DBD menunjukkan variasi antarwilayah dan dapat dianalisis berdasarkan angka kejadian penyakit serta karakteristik lingkungan dan masyarakat (Orien dkk., 2023; Purba dkk., 2022). Perbedaan risiko antarwilayah juga dapat dianalisis melalui pendekatan spasial untuk menggambarkan variasi risiko relatif penyakit DBD [1].

Salah satu pendekatan matematis yang dapat digunakan untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit menular adalah model *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR). Model ini membagi populasi menjadi kelompok individu rentan (*Susceptible*), terinfeksi (*Infected*), dan pulih (*Recovered*). Perubahan jumlah individu pada setiap kelompok dapat direpresentasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial non-linear sehingga perkembangan penyakit terhadap waktu dapat dianalisis secara matematis [2],[3],[4].

Penerapan model SIR pada penyakit DBD telah dilakukan untuk menganalisis dinamika penyebaran, titik kesetimbangan, dan bilangan reproduksi dasar. Model tersebut dapat memberikan gambaran matematis mengenai perubahan populasi rentan, terinfeksi, dan pulih selama proses penyebaran penyakit [2]. Selain untuk DBD, model SIR juga telah banyak digunakan untuk simulasi penyakit menular dengan pendekatan deterministik dan analisis numerik [4].

Model SIR berbentuk sistem persamaan diferensial non-linear yang pada umumnya memerlukan penyelesaian numerik untuk memperoleh nilai solusi pada waktu tertentu. Beberapa metode numerik telah digunakan dalam penyelesaian model SIR, seperti Runge-Kutta orde empat, Adams-Bashforth-Moulton, Runge-Kutta orde tiga, serta berbagai metode pembanding lainnya [3],[5]. Metode Runge-Kutta orde empat juga telah digunakan untuk memperoleh solusi numerik model SIR dan menganalisis pengaruh perubahan parameter transmisi dan pemulihan terhadap dinamika model [6]. Perbandingan metode Euler dan Runge-Kutta orde empat menunjukkan bahwa metode numerik yang berbeda dapat menghasilkan perbedaan solusi dan karakteristik kesalahan numerik [7].

Metode Heun merupakan salah satu metode numerik yang dapat digunakan untuk menyelesaikan model SIR. Metode tersebut termasuk metode prediktor-korektor orde dua yang menggunakan nilai prediksi dan koreksi pada setiap langkah perhitungan. Perbandingan metode Euler dan Heun pada simulasi numerik model SIR menunjukkan bahwa metode Heun dapat memberikan ketelitian yang lebih baik pada kondisi ukuran langkah tertentu [8]. Penggunaan metode numerik dengan evaluasi kesalahan menjadi penting untuk memastikan bahwa hasil simulasi tidak hanya memberikan bentuk kurva yang sesuai, tetapi juga memiliki ketelitian komputasi yang dapat diukur.

Dalam pemodelan DBD, berbagai penelitian telah mengembangkan struktur model dan metode penyelesaian yang lebih kompleks. Model SIRS telah digunakan untuk menggambarkan transmisi DBD di Kota Makassar menggunakan metode Runge-Kutta [9]. Model dengan populasi manusia dan vektor juga telah digunakan untuk menggambarkan karakteristik penularan DBD dengan metode Runge-Kutta orde empat [10]. Pengembangan lebih lanjut dilakukan menggunakan model SIR-SI yang menggabungkan populasi manusia dan nyamuk serta pendekatan turunan fraksional untuk menggambarkan dinamika DBD

yang lebih kompleks [11]. Model SEIR-SI dengan kontrol pengobatan juga telah digunakan untuk menganalisis stabilitas dan pengendalian penyebaran DBD [12].

Selain pendekatan deterministik, penyelesaian model SIR non-linear berbasis DBD juga dapat dilakukan menggunakan pendekatan komputasi lainnya. Pendekatan stokastik dan teknik komputasi berbasis jaringan saraf telah digunakan untuk memperoleh solusi model SIR non-linear DBD serta membandingkan hasilnya dengan solusi Adams berdasarkan ukuran kesalahan dan konvergensi [13]. Di sisi lain, estimasi parameter model SIR dari data dapat dilakukan menggunakan pendekatan optimasi seperti *differential evolution* sehingga parameter model dapat diperoleh berdasarkan data yang tersedia [14].

Berdasarkan penelitian terdahulu, model penyebaran DBD telah dikembangkan dalam berbagai bentuk, mulai dari model SIR sederhana hingga model yang mempertimbangkan populasi vektor, kompartemen tambahan, aspek spasial, pendekatan fraksional, maupun kontrol pengobatan. Namun, penggunaan model yang lebih kompleks juga meningkatkan jumlah parameter dan asumsi yang harus ditentukan. Oleh karena itu, model SIR non-linear sederhana masih relevan digunakan sebagai pendekatan awal untuk membandingkan dinamika penyebaran penyakit pada dua wilayah dengan kondisi awal dan parameter transmisi yang berbeda.

Dalam konteks Sumatera Utara, Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi memiliki angka kesakitan DBD tahun 2024 yang berbeda. Perbedaan tersebut dapat digunakan sebagai dasar untuk membangun dua skenario simulasi pada basis populasi yang sama. Penggunaan basis populasi 100.000 penduduk memungkinkan kedua wilayah dibandingkan dalam skala yang seragam, sementara parameter β dan γ ditetapkan sebagai skenario model.

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis secara komparatif dinamika penyebaran DBD di Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi menggunakan model SIR non-linear yang diselesaikan dengan Metode Heun. Analisis dilakukan melalui perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0), *Herd Immunity Threshold* (HIT), dinamika kompartemen $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$, puncak infeksi, waktu puncak infeksi, serta evaluasi ketelitian numerik menggunakan solusi referensi RK45. Hasil penelitian diharapkan dapat memberikan gambaran komputasional mengenai perbedaan dinamika model DBD pada kedua wilayah berdasarkan skenario parameter yang digunakan.

2. TINJAUAN PUSTAKA

2.1. Model SIR untuk Pemodelan Penyebaran Penyakit

2.1.1. Heading Level Ketiga

Model *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR) merupakan salah satu model kompartemen yang digunakan untuk menggambarkan dinamika penyakit menular. Populasi dibagi menjadi tiga kelompok utama, yaitu susceptible sebagai individu yang masih rentan terhadap penyakit, infected sebagai individu yang sedang terinfeksi, dan recovered sebagai individu yang telah pulih atau keluar dari kompartemen infeksi. Perubahan jumlah individu pada setiap kompartemen dapat dinyatakan dalam bentuk sistem persamaan diferensial non-linear [2],[3].

Pada model SIR sederhana dengan populasi tertutup, perubahan jumlah individu pada masing-masing kompartemen dapat dinyatakan sebagai

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

dengan Smenyatakan jumlah individu rentan, Ijumlah individu terinfeksi, Rjumlah individu pulih, Njumlah populasi, βlaju transmisi, dan γlaju pemulihan. Bentuk perkalian antara Sdan Imenyebabkan sistem tersebut bersifat non-linear. Formulasi serupa digunakan dalam berbagai penelitian epidemiologi dan simulasi model SIR [3], [4], [6].

Model SIR dapat digunakan sebagai model dasar sebelum dikembangkan menjadi struktur yang lebih kompleks. Pada penyakit DBD, penyebaran sebenarnya melibatkan interaksi antara manusia dan vektor nyamuk sehingga model sederhana tidak mencakup seluruh proses biologis. Pengembangan model DBD kemudian dapat dilakukan dengan menambahkan kompartemen maupun populasi vektor, seperti pada model SIRS, model manusia-vektor, dan model SIR-SI [9], [10], [11].

2.1.2. Bilangan Reproduksi Dasar dan Dinamika Epidemi

Bilangan reproduksi dasar atau R_0digunakan untuk menggambarkan potensi penyebaran penyakit pada kondisi awal ketika sebagian besar populasi masih rentan. Pada model SIR homogen yang digunakan dalam penelitian ini, R_0dihitung berdasarkan rasio antara laju transmisi dan laju pemulihan:

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (4)$$

Nilai R_0 yang lebih besar dari satu menunjukkan adanya kecenderungan pertumbuhan jumlah individu terinfeksi pada fase awal model. Nilai tersebut juga dapat digunakan sebagai salah satu indikator untuk membandingkan potensi pertumbuhan infeksi antar-skenario [2].

Berdasarkan nilai R_0, ambang kekebalan kelompok atau *Herd Immunity Threshold* (HIT) dapat dinyatakan sebagai:

$$HIT = 1 - \frac{\beta}{\gamma} \quad (5)$$

HIT menunjukkan proporsi kekebalan teoritis yang dibutuhkan untuk menekan transmisi pada model homogen. Dalam penelitian ini, HIT digunakan sebagai indikator teoritis dari karakteristik model dan tidak diinterpretasikan sebagai prediksi persentase populasi DBD yang sebenarnya akan mengalami infeksi.

2.2. Model SIR Nonlinear pada Penyebaran DBD

Model SIR telah digunakan dalam analisis penyebaran DBD di Indonesia. Penerapan model tersebut dapat digunakan untuk memperoleh dinamika populasi serta menganalisis kondisi kestabilan dan bilangan reproduksi dasar [2]. Model deterministik juga dapat digunakan untuk melakukan simulasi perkembangan penyakit berdasarkan parameter transmisi dan pemulihan yang telah ditentukan [4].

Karakteristik penyebaran DBD tidak selalu sama antarwilayah. Data *incidence rate* DBD di Sumatera Utara menunjukkan adanya variasi kejadian antardaerah, sementara faktor lingkungan dan sosial dapat berkaitan dengan tingkat kejadian penyakit [15]. Variasi kerawanan DBD juga dapat dianalisis secara spasial dengan mempertimbangkan beberapa faktor wilayah, seperti kondisi iklim dan kepadatan penduduk [16]. Heterogenitas spasial risiko DBD dapat semakin diperjelas menggunakan pendekatan koefisien yang bervariasi secara spasial [1].

Model yang digunakan untuk DBD dapat dikembangkan sesuai dengan karakteristik biologis penyakit. Model SIRS dapat digunakan ketika terdapat kemungkinan individu kembali menjadi rentan, sedangkan model manusia-vektor dapat digunakan ketika interaksi antara populasi manusia dan nyamuk perlu direpresentasikan secara eksplisit [9], [10]. Struktur SIR-SI juga dapat digunakan untuk memasukkan populasi manusia dan nyamuk secara bersamaan, termasuk dengan pendekatan orde fraksional [11].

Model yang lebih kompleks dapat pula memasukkan kompartemen *exposed* dan variabel kontrol pengobatan. Struktur SEIR-SI memungkinkan proses infeksi direpresentasikan lebih rinci dibandingkan model SIR sederhana [12]. Meskipun demikian, model SIR dasar tetap dapat digunakan ketika tujuan utama penelitian adalah membandingkan dinamika relatif berdasarkan skenario parameter yang sama-sama diterapkan pada beberapa wilayah.

2.3. Penyelesaian Numerik Model SIR

2.3.1. Metode Numerik pada Model Epidemiologi

Sistem persamaan diferensial non-linear pada model SIR umumnya diselesaikan secara numerik. Beberapa metode yang telah digunakan antara lain Runge-Kutta orde empat dan Adams-Bashforth-Moulton untuk memperoleh solusi model SIR dan membandingkan hasil dari dua skema numerik [3]. Metode Runge-Kutta orde empat juga banyak digunakan karena memiliki ketelitian yang lebih tinggi dibandingkan metode orde rendah pada kondisi tertentu [6], [7].

Metode Runge-Kutta orde tiga dan Adams-Bashforth orde tiga juga dapat digunakan untuk memperoleh solusi numerik model epidemiologi SIR [5]. Perbedaan metode numerik dapat menghasilkan perbedaan kecil pada nilai solusi sehingga evaluasi kesalahan diperlukan ketika hasil simulasi akan digunakan untuk membandingkan beberapa skenario.

Pada pemodelan DBD, metode Runge-Kutta orde empat telah digunakan pada model SIRS untuk transmisi DBD di Kota Makassar dan pada model DBD yang mempertimbangkan populasi manusia dan vektor [9], [10]. Pendekatan numerik lain juga telah digunakan pada model SIR non-linear DBD dengan metode komputasi stokastik dan pembanding solusi Adams [13].

2.3.2. Metode Heun

Metode Heun merupakan metode numerik orde dua yang menggunakan tahapan prediksi dan koreksi. Tahap prediksi digunakan untuk memperoleh perkiraan nilai pada titik waktu berikutnya, kemudian tahap koreksi menggunakan kemiringan pada titik awal dan titik prediksi. Struktur tersebut membuat metode Heun lebih akurat dibandingkan metode Euler pada beberapa kondisi perhitungan dengan ukuran langkah yang sama [8].

Penggunaan metode Heun pada model SIR menjadi relevan karena algoritmanya relatif sederhana tetapi tetap menyediakan koreksi terhadap pendekatan Euler. Perbandingan metode Euler dan Heun menunjukkan bahwa metode Heun dapat menghasilkan nilai galat yang lebih kecil pada simulasi model SIR tertentu [8]. Oleh karena itu, metode Heun digunakan dalam penelitian ini untuk memperoleh solusi numerik $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$.

2.4. Parameter Model dan Estimasi Dinamika

Parameter β dan γ merupakan parameter utama dalam model SIR. Parameter βmengontrol laju perpindahan individu dari kelompok susceptible menuju infected, sedangkan γ mengontrol laju perpindahan individu infected menuju recovered. Perubahan kedua parameter tersebut dapat mengubah nilai R_0 dan bentuk kurva dinamika infeksi [2], [4].

Parameter model epidemiologi dapat diperoleh melalui estimasi berbasis data. Estimasi parameter menggunakan metode *differential evolution* dapat digunakan untuk menyesuaikan model SIR terhadap data sehingga diperoleh nilai parameter yang lebih representatif terhadap data pengamatan [14]. Namun, penggunaan parameter hasil estimasi memerlukan data deret waktu yang sesuai dengan variabel model.

Pada penelitian ini, nilai βdan γdigunakan sebagai parameter skenario, bukan parameter yang diperoleh melalui estimasi langsung dari deret waktu kasus DBD. Oleh karena itu, hasil yang diperoleh merupakan hasil simulasi model berdasarkan asumsi parameter yang telah ditetapkan, bukan prediksi jumlah kasus aktual di lapangan. Pendekatan tersebut perlu ditegaskan agar interpretasi hasil tidak melebihi kemampuan data dan struktur model yang digunakan.

Data *incidence rate* juga perlu dibedakan dari jumlah individu yang sedang berada dalam kompartemen infected. *Incidence rate* menggambarkan kasus baru dalam populasi pada periode tertentu, sedangkan kompartemen $I(t)$ pada model SIR merepresentasikan individu yang sedang berada dalam kondisi terinfeksi. Karena perbedaan definisi tersebut, penggunaan *incidence rate* sebagai kondisi awal merupakan asumsi pemodelan untuk membangun skenario simulasi [15].

2.5. Posisi Penelitian

Penelitian terdahulu menunjukkan bahwa model DBD telah dikembangkan melalui berbagai pendekatan. Model SIR digunakan untuk analisis DBD dan kestabilan, sementara berbagai metode numerik digunakan untuk memperoleh solusi persamaan diferensial epidemiologi [2], [3], [5]. Perbandingan metode numerik juga menunjukkan bahwa metode yang berbeda dapat menghasilkan tingkat ketelitian yang berbeda [7], [8].

Pada sisi epidemiologi DBD, penelitian telah mencakup analisis *incidence rate*, faktor spasial, dan risiko relatif wilayah di Sumatera Utara [1], [15], [16]. Sementara itu, pemodelan yang lebih kompleks telah memasukkan populasi vektor, struktur SIRS, SIR-SI, SEIR-SI, pendekatan fraksional, dan kontrol pengobatan [9], [10], [11], [12]. Pendekatan komputasi stokastik dan estimasi parameter juga telah dikembangkan untuk meningkatkan fleksibilitas analisis model SIR [13], [14].

Berdasarkan kajian tersebut, penelitian ini mengambil pendekatan yang lebih terfokus pada perbandingan dinamika model SIR non-linear pada dua wilayah dengan struktur model, basis populasi, ukuran langkah, dan periode simulasi yang sama. Data DBD tahun 2024 digunakan untuk membangun kondisi awal pada Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi. Penyelesaian numerik dilakukan menggunakan Metode Heun, kemudian ketelitian solusi dievaluasi terhadap solusi referensi RK45 menggunakan MAE dan MAPE. Dengan demikian, fokus penelitian tidak diarahkan pada pengembangan model epidemiologi yang semakin kompleks, tetapi pada analisis komparatif dan evaluasi numerik dari model SIR non-linear yang sama pada dua skenario wilayah.

3. METODOLOGI PENELITIAN

Penelitian ini merupakan penelitian pemodelan dan simulasi numerik dengan pendekatan komparatif untuk menganalisis dinamika penyebaran Demam Berdarah Dengue (DBD) di Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi. Model yang digunakan adalah Susceptible-Infected-Recovered (SIR) non-linear yang diselesaikan secara numerik menggunakan Metode Heun orde dua. Tahapan penelitian meliputi pengumpulan dan pengolahan data, penetapan kondisi awal dan parameter model, formulasi model SIR, perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 dan Herd Immunity Threshold (HIT), penyelesaian numerik menggunakan Metode Heun, simulasi dinamika infeksi, penentuan puncak infeksi, serta evaluasi ketelitian numerik terhadap solusi rujukan. Implementasi model dilakukan menggunakan Python.

3.1. Data dan Kondisi Awal

Data yang digunakan merupakan data sekunder angka kesakitan DBD tahun 2024 untuk kabupaten/kota di Provinsi Sumatera Utara. Data yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari dataset "Kasus Penyakit Menurut Kabupaten/Kota dan Jenis Penyakit di Provinsi Sumatera Utara, 2024". Variabel yang digunakan adalah angka kesakitan DBD per 100.000 penduduk. Berdasarkan data tersebut, angka kesakitan DBD di Kabupaten Simalungun sebesar 66,1 per 100.000 penduduk, sedangkan Kabupaten Dairi sebesar 243,5 per 100.000 penduduk. Nilai tersebut menjadi dasar penetapan kondisi awal kedua skenario model.

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

Karena data tersedia dalam bentuk *incidence rate* per 100.000 penduduk, penelitian ini menggunakan basis populasi model $N = 100.000$ agar satuan data dan skala model berada pada basis yang sama. Penggunaan basis yang sama pada Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi juga memungkinkan perbandingan kedua wilayah dilakukan secara seragam tanpa dipengaruhi oleh perbedaan ukuran populasi aktual. Nilai *incidence rate* digunakan sebagai proksi $I(0)$ untuk membangun skenario simulasi komparatif. Dengan demikian, nilai keluaran model ditafsirkan sebagai dinamika populasi pada basis 100.000 penduduk dan bukan sebagai jumlah kasus aktual pada keseluruhan penduduk masing-masing kabupaten.

Oleh karena itu, nilai puncak infeksi yang dihasilkan model, termasuk 51.290,91 pada Simalungun dan 43.604,73 pada Dairi, merupakan hasil simulasi pada skala populasi yang dinormalisasi menjadi 100.000 penduduk.

Kondisi awal model ditentukan dengan

$$S(0) = N - I_0 \quad (6)$$

$$I(0) = I_0 \quad (7)$$

$$(0) = 0. \quad (8)$$

dengan $N = 100.000$, nilai I_0 adalah 66,1 untuk Kabupaten Simalungun dan 243,5 untuk Kabupaten Dairi. Asumsi $R(0) = 0$digunakan sebagai penyederhanaan kondisi awal model. Penggunaan *incidence rate* sebagai $I(0)$ merupakan asumsi pemodelan dan bukan pernyataan bahwa nilai tersebut identik dengan jumlah kasus aktif pada satu waktu tertentu.

Tabel 1. Kondisi awal dan parameter simulasi model SIR

Parameter	Simalungun	Dairi	Satuan	Keterangan
N	100.000	100.000	Individu	Basis populasi model
I(0)	66,1	243,5	Per 100.000	Proksi kondisi awal
β	0,28	0,22	Hari^{-1}	Parameter transmisi
γ	0,05	0,05	Hari^{-1}	Parameter pemulihan
h	1	1	Hari	Ukuran Langkah
t	160	160	Hari	Horizon simulasi

Nilai β dan γ pada Tabel 1 merupakan parameter skenario simulasi yang digunakan dalam implementasi model, bukan hasil estimasi langsung dari deret waktu kasus DBD. Oleh karena itu, hasil penelitian diinterpretasikan sebagai dinamika model berdasarkan kondisi awal dan parameter yang ditetapkan.

3.2. Formulasi Model SIR Non-linear

Model SIR terdiri atas tiga kompartemen, yaitu $S(t)$ yang merepresentasikan individu rentan (*Susceptible*), $I(t)$ yang merepresentasikan individu terinfeksi (*Infected*), dan $R(t)$ yang merepresentasikan individu pulih (*Recovered*). Penelitian menggunakan asumsi populasi tertutup selama periode simulasi, sehingga kelahiran, kematian alami, dan migrasi tidak dimasukkan ke dalam model.

Formulasi model SIR dasar yang digunakan telah dijelaskan pada Persamaan (1)-(3) di bagian Tinjauan Pustaka. Dalam implementasi penelitian, model tersebut digunakan untuk menghitung perubahan ketiga kompartemen pada setiap langkah waktu. Jumlah populasi dipertahankan konstan dengan hubungan

$$N = S(t) + I(t) + R(t). \quad (9)$$

Model SIR yang digunakan didasarkan pada beberapa asumsi. Populasi dianggap homogen sehingga setiap individu rentan memiliki peluang kontak efektif yang sama dengan individu terinfeksi. Parameter laju transmisi β dan laju pemulihan γ dianggap konstan selama periode simulasi. Individu yang telah masuk ke kompartemen recovered diasumsikan tidak kembali ke kompartemen susceptible selama periode simulasi. Mekanisme penularan DBD melalui populasi nyamuk tidak dimodelkan secara eksplisit, tetapi direpresentasikan secara tersederhana melalui parameter transmisi β. Dengan demikian, perubahan jumlah individu dalam model hanya terjadi melalui perpindahan antar-kompartemen susceptible, infected, dan recovered sesuai dengan sistem persamaan SIR yang digunakan.

Suku transmisi $\beta SI/N$ menggambarkan perpindahan individu dari kelompok rentan menuju kelompok terinfeksi, sedangkan suku γI menggambarkan perpindahan individu terinfeksi menuju kelompok pulih. Bentuk perkalian antara S dan I menyebabkan sistem persamaan tersebut bersifat non-linear.

Model SIR telah digunakan dalam berbagai penelitian penyelesaian numerik epidemiologi, termasuk pendekatan Runge-Kutta dan metode multistep untuk memperoleh solusi numerik sistem SIR [1], [2].

3.3. Parameter Model, Bilangan Reproduksi, dan HIT

Parameter transmisi β dan pemulihan γ digunakan untuk membentuk karakteristik dinamika masing-masing skenario wilayah. Parameter β merepresentasikan laju transmisi efektif per hari, sedangkan γmerepresentasikan laju pemulihan individu terinfeksi per hari. Pada penelitian ini, nilai β ditetapkan sebesar 0,28 per hari untuk Kabupaten Simalungun dan 0,22 per hari untuk Kabupaten Dairi, sedangkan nilai γditetapkan sebesar 0,05 per hari pada kedua wilayah.

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

Nilai β dan γ tersebut digunakan sebagai parameter skenario simulasi, bukan sebagai hasil estimasi langsung dari deret waktu kasus DBD. Perbedaan nilai β antarwilayah digunakan untuk membentuk skenario tingkat transmisi yang berbeda sehingga pengaruh laju transmisi terhadap dinamika infeksi dapat dibandingkan secara terkontrol, sedangkan penggunaan nilai γ yang sama menjaga kondisi laju pemulihan tetap konsisten pada kedua wilayah. Dengan demikian, parameter yang digunakan tidak dimaksudkan sebagai estimasi epidemiologis aktual Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi. Estimasi parameter berbasis data deret waktu merupakan pendekatan yang dapat dilakukan apabila tersedia data yang sesuai dengan struktur model [3].

Berdasarkan parameter yang digunakan, bilangan reproduksi dasar dihitung menggunakan

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \tag{10}$$

pada model SIR tertutup yang digunakan dalam penelitian ini, R_0 digunakan sebagai ukuran teoritis kapasitas transmisi pada kondisi awal ketika sebagian besar populasi masih rentan. Nilai R_0 digunakan untuk membantu membandingkan karakteristik kedua skenario, bukan sebagai ukuran langsung reproduksi kasus DBD di lapangan.

Ambang kekebalan kelompok secara teoritis dihitung menggunakan

$$HIT = 1 - \frac{1}{R_0}. \tag{11}$$

nilai HIT diinterpretasikan sebagai ambang teoritis berdasarkan asumsi model homogen. Nilai tersebut bukan persentase penduduk yang diperkirakan akan terinfeksi.

3.4. Penyelesaian Numerik dengan Metode Heun

Sistem persamaan diferensial SIR diselesaikan menggunakan Metode Heun orde dua. Metode Heun merupakan metode prediktor-korektor yang menghasilkan nilai prediksi terlebih dahulu, kemudian memperbaikinya menggunakan rata-rata kemiringan pada titik awal dan titik prediksi. Metode numerik tersebut telah diterapkan pada penyelesaian model epidemiologi, dan penelitian pada simulasi SIR menunjukkan bahwa Heun dapat menghasilkan galat yang lebih kecil dibandingkan Euler pada ukuran langkah tertentu [4].

Untuk sistem umum

$$\frac{dy}{dt} = f(t, y),$$

tahap prediksi Metode Heun dihitung menggunakan

$$y_n^* = y_n + hf(t_n, y_n). \tag{12}$$

Nilai prediksi tersebut kemudian digunakan pada tahap koreksi:

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{2}[f(t_n, y_n) + f(t_{n+1}, y_n^*)]. \tag{13}$$

Dalam penelitian ini digunakan ukuran langkah

$$h = 1 \text{ hari} \tag{14}$$

dengan horizon simulasi

$$T = 160 \text{ hari}. \tag{15}$$

Persamaan (12)-(13) diterapkan pada ketiga variabel keadaan S, I, dan R. Pada setiap langkah waktu, nilai prediksi dihitung terlebih dahulu, kemudian digunakan untuk mendapatkan nilai koreksi. Proses tersebut dilakukan secara iteratif sampai mencapai waktu simulasi T.

3.5. Skenario Simulasi dan Implementasi Komputasi

Simulasi dilakukan secara terpisah untuk Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi dengan menggunakan nilai kondisi awal dan parameter masing-masing wilayah pada Tabel 1. Kedua skenario menggunakan horizon simulasi dan ukuran langkah yang sama sehingga perbandingan hasil dilakukan pada basis waktu yang setara.

Implementasi dilakukan menggunakan bahasa pemrograman Python. Operasi numerik dan pengolahan array digunakan untuk menghitung solusi SIR secara diskrit, sedangkan hasil simulasi divisualisasikan dalam bentuk kurva $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Penyelesaian model dilakukan secara langsung menggunakan algoritma Metode Heun sehingga setiap tahap prediksi dan koreksi dapat ditelusuri dan direplikasi.

Tahapan komputasi untuk setiap wilayah terdiri atas: inisialisasi $S(0)$, $I(0)$, dan $R(0)$; penetapan β, γ, h, dan T; perhitungan nilai prediksi; perhitungan nilai koreksi; penyimpanan hasil pada setiap waktu; dan pengulangan proses hingga $t = T$.

3.6. Analisis Puncak Infeksi dan Perbandingan Antarwilayah

Perbandingan dinamika kedua wilayah dilakukan terutama berdasarkan variabel $I(t)$. Parameter hasil simulasi yang dianalisis meliputi nilai maksimum jumlah individu terinfeksi dan waktu ketika nilai maksimum tersebut tercapai.

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

Puncak infeksi ditentukan menggunakan

$$I_{\max} = \max_{0 \le t \le T} I(t). \quad (16)$$

Waktu terjadinya puncak infeksi ditentukan menggunakan

$$t_{\max} = I(t). \quad (17)$$

Selain kedua indikator tersebut, kurva $I(t)$ kedua wilayah dibandingkan untuk mengamati perbedaan pola kenaikan, waktu tercapainya puncak, serta penurunan jumlah individu terinfeksi setelah puncak. Perbandingan dilakukan berdasarkan parameter dan kondisi awal yang telah ditetapkan, sehingga interpretasi hasil dibatasi pada skenario model yang digunakan.

3.7. Evaluasi Ketelitian Numerik

Evaluasi numerik dilakukan untuk mengetahui seberapa dekat solusi Metode Heun terhadap solusi rujukan dari sistem SIR dengan parameter dan kondisi awal yang sama. Solusi rujukan dihitung menggunakan metode numerik berakurasi tinggi dengan ukuran toleransi yang lebih ketat. Evaluasi ini digunakan untuk mengukur ketelitian penyelesaian numerik, bukan untuk melakukan validasi epidemiologis terhadap data kasus aktual.

Mean Absolute Error (MAE) dihitung menggunakan

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} |I_{r,i} - I_{h,i}|, \quad (18)$$

sedangkan Mean Absolute Percentage Error (MAPE) dihitung menggunakan

$$MAPE = \frac{100\%}{n} \sum_{i=1}^{n} \left| \frac{I_{r,i} - I_{h,i}}{I_{r,i}} \right|. \quad (19)$$

Dalam Persamaan (18)-(19), $I_{r,i}$menyatakan nilai jumlah individu terinfeksi dari solusi rujukan pada waktu ke-i, $I_{h,i}$ menyatakan nilai yang diperoleh dari Metode Heun, dan $n$merupakan jumlah titik waktu yang dibandingkan. Karena solusi rujukan dan solusi Heun menggunakan sistem, kondisi awal, dan parameter yang sama, metrik tersebut digunakan untuk mengevaluasi galat diskritisasi metode numerik. Pemisahan antara evaluasi numerik dan validasi epidemiologis diperlukan karena keduanya mengukur aspek yang berbeda.

3.8. Alur Penelitian

Alur penelitian dilakukan secara bertahap mulai dari pengumpulan data kasus DBD tahun 2024, penentuan basis populasi dan kondisi awal, penetapan parameter model, formulasi model SIR non-linear, hingga penyelesaian numerik menggunakan metode Heun. Selanjutnya dilakukan simulasi dinamika penyebaran selama 160 hari, identifikasi puncak infeksi dan waktu terjadinya puncak, serta evaluasi ketelitian numerik menggunakan MAE dan MAPE. Hasil simulasi yang telah memenuhi evaluasi numerik kemudian digunakan untuk melakukan analisis komparatif antara Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi.



Gambar 1. Alur penelitian analisis komparatif model SIR non-linear DBD

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

Berdasarkan Gambar 1, tahap awal penelitian adalah pengumpulan data DBD tahun 2024 yang digunakan sebagai data dasar penelitian. Data tersebut digunakan untuk memperoleh nilai angka kesakitan DBD per 100.000 penduduk pada Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi. Selanjutnya ditentukan basis populasi sebesar 100.000 penduduk sebagai dasar simulasi agar data incidence rate dapat digunakan secara konsisten dalam model. Nilai angka kesakitan digunakan sebagai dasar penentuan kondisi awal kompartemen terinfeksi, sedangkan jumlah susceptible diperoleh dari selisih antara basis populasi dan jumlah individu terinfeksi pada kondisi awal. Kompartemen recovered pada awal simulasi ditetapkan sebesar nol karena simulasi dimulai dari kondisi awal epidemi yang belum memiliki populasi pulih.

Tahap berikutnya adalah penetapan parameter model dan formulasi persamaan SIR non-linear. Parameter laju transmisi βdan laju pemulihan γditetapkan untuk masing-masing wilayah sebagai skenario simulasi. Nilai parameter tersebut kemudian digunakan untuk membentuk hubungan dinamis antara individu susceptible, infected, dan recovered. Setelah model terbentuk, dilakukan perhitungan R_0 dan HIT untuk memberikan gambaran teoritis mengenai potensi penyebaran penyakit dan proporsi populasi yang secara teoritis perlu terlindungi untuk menghambat penyebaran. Tahapan ini menjadi dasar sebelum model diselesaikan secara numerik.

Model SIR yang telah dirumuskan kemudian didiskretisasi menggunakan metode Heun dengan ukuran langkah $h = 1$hari. Metode tersebut digunakan untuk menghitung perubahan nilai $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$pada setiap langkah waktu. Proses simulasi dilakukan secara terpisah untuk Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi dengan horizon simulasi yang sama, yaitu 160 hari. Penggunaan ukuran langkah dan periode simulasi yang sama pada kedua wilayah dimaksudkan agar hasil yang diperoleh dapat dibandingkan pada kondisi numerik yang seragam. Selama proses simulasi, nilai setiap kompartemen dicatat untuk membentuk pola dinamika epidemi pada masing-masing wilayah.

Setelah simulasi selesai, dilakukan identifikasi karakteristik dinamika infeksi melalui penentuan jumlah individu terinfeksi maksimum ($I_{\max}$) dan waktu terjadinya puncak infeksi ($t_{\max}$). Kedua indikator tersebut digunakan sebagai dasar utama untuk membandingkan perkembangan infeksi antara Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi. Selain puncak infeksi, pola perubahan kurva $I(t)$ juga diamati untuk mengetahui perbedaan laju peningkatan, waktu mencapai puncak, dan kecenderungan penurunan infeksi setelah mencapai puncak.

Tahap terakhir adalah evaluasi ketelitian numerik dengan membandingkan hasil metode Heun terhadap solusi referensi dari sistem persamaan yang sama. Evaluasi dilakukan menggunakan Mean Absolute Error (MAE) dan Mean Absolute Percentage Error (MAPE). Tahap ini bertujuan memastikan bahwa hasil numerik yang digunakan dalam analisis komparatif memiliki ketelitian yang memadai dari sisi penyelesaian numeriknya. Setelah evaluasi dilakukan, hasil simulasi digunakan untuk menyusun analisis komparatif Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi berdasarkan parameter model, nilai R_0, HIT, karakteristik kurva infeksi, nilai puncak infeksi, dan waktu terjadinya puncak. Seluruh tahapan tersebut menghasilkan dasar analisis untuk menjawab perbedaan dinamika penyebaran DBD pada kedua wilayah berdasarkan model SIR non-linear.

4. HASIL DAN PEMBAHASAN

Penelitian ini menghasilkan simulasi dinamika penyebaran Demam Berdarah Dengue (DBD) di Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi menggunakan model SIR non-linear yang diselesaikan dengan Metode Heun orde dua. Simulasi dilakukan pada basis 100.000 penduduk dengan ukuran langkah satu hari selama 160 hari. Hasil yang dianalisis meliputi karakteristik parameter model, nilai bilangan reproduksi dasar (R_0), *Herd Immunity Threshold* (HIT), dinamika kompartemen susceptible, infected, dan recovered, puncak infeksi dan waktu terjadinya puncak, serta ketelitian numerik Metode Heun terhadap solusi referensi. Karena nilai awal berasal dari *incidence rate* DBD per 100.000 penduduk, hasil simulasi ditafsirkan sebagai dinamika model pada basis populasi tersebut dan bukan sebagai prediksi jumlah kasus aktual seluruh penduduk kabupaten.

4.1 Hasil simulasi model SIR

Hasil utama simulasi model SIR pada Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi dirangkum pada Tabel 2.

Tabel 2. Hasil simulasi model SIR pada Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi

Parameter	Simalungun	Dairi
I(0)per 100.000	66,10	243,50
β	0,28	0,22
γ	0,05	0,05

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

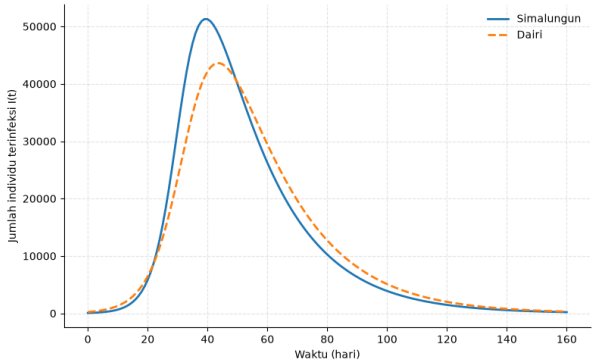
R_0	5,60	4,40
HIT	82,14%	77,27%
Puncak I(t)	51.290,91	43.604,73
Waktu puncak	Hari ke-39	Hari ke-44

Berdasarkan Tabel 2, kedua wilayah menghasilkan nilai R_0lebih besar dari satu. Kabupaten Simalungun memiliki $R_0 = 5{,}60$, sedangkan Kabupaten Dairi memiliki $R_0 = 4{,}40$. Karena nilai γditetapkan sama sebesar 0,05 per hari pada kedua wilayah, perbedaan nilai R_0terutama ditentukan oleh perbedaan laju transmisi β. Simalungun menggunakan $\beta = 0{,}28$per hari, sedangkan Dairi menggunakan $\beta = 0{,}22$ per hari. Dengan demikian, dalam skenario model yang digunakan, Simalungun memiliki laju pertumbuhan awal infeksi yang lebih besar.

Nilai HIT teoritis yang diperoleh sebesar 82,14% untuk Simalungun dan 77,27% untuk Dairi. Perbedaan tersebut konsisten dengan nilai R_0, karena skenario dengan nilai R_0 lebih tinggi menghasilkan nilai HIT yang lebih tinggi. Nilai HIT dalam penelitian ini merupakan ambang teoritis pada model SIR homogen dan tidak ditafsirkan sebagai persentase penduduk yang dipastikan akan terinfeksi. Hal tersebut sesuai dengan keterbatasan model yang tidak memasukkan struktur umur, heterogenitas kontak, vaksinasi, maupun populasi vektor.

Hasil simulasi menunjukkan bahwa Simalungun mencapai puncak jumlah individu terinfeksi sebesar 51.290,91 pada hari ke-39, sedangkan Dairi mencapai puncak sebesar 43.604,73 pada hari ke-44. Dengan demikian, puncak infeksi pada skenario Simalungun lebih tinggi sekitar 7.686,18 individu dan terjadi lima hari lebih awal dibandingkan Dairi. Hasil tersebut menunjukkan bahwa kondisi awal $I(0)$ bukan satu-satunya faktor yang menentukan tinggi dan waktu puncak infeksi. Dalam skenario penelitian ini, perbedaan nilai β memberikan pengaruh yang besar terhadap perkembangan kurva infeksi.

4.2 Dinamika individu terinfeksi



Gambar 2. Dinamika individu terinfeksi DBD tanpa intervensi pada Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi

Gambar 2 memperlihatkan dinamika jumlah individu terinfeksi selama 160 hari pada kedua wilayah. Kedua kurva menunjukkan pola yang serupa, yaitu peningkatan jumlah individu terinfeksi pada fase awal, pencapaian satu titik maksimum, kemudian penurunan setelah melewati puncak. Pola tersebut merupakan karakteristik model SIR pada populasi tertutup karena berkurangnya jumlah individu rentan menyebabkan laju terbentuknya infeksi baru semakin menurun. Struktur model yang digunakan memang mengasumsikan tidak adanya kelahiran, kematian alami, dan migrasi selama periode simulasi.

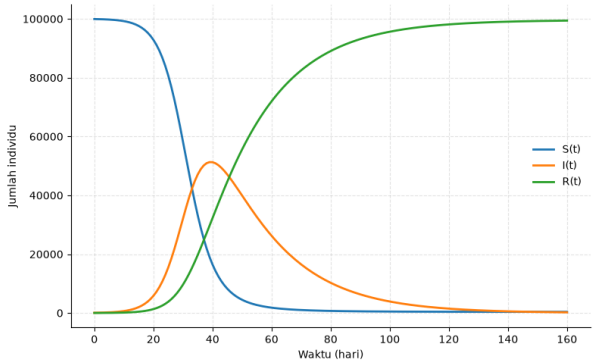
Perbedaan kedua wilayah mulai terlihat lebih jelas setelah fase awal simulasi. Kurva Simalungun meningkat lebih cepat dan mencapai puncak pada hari ke-39, sedangkan kurva Dairi mencapai puncak pada hari ke-44. Hal tersebut berkaitan dengan nilai β Simalungun yang lebih tinggi. Nilai β yang lebih besar menyebabkan perpindahan individu susceptible menuju infected berlangsung lebih cepat sehingga kurva infeksi meningkat lebih tajam.

Hasil tersebut menjadi menarik karena nilai awal Dairi justru lebih tinggi. Nilai $I(0)$ Dairi sebesar 243,50, sedangkan Simalungun hanya 66,10. Meskipun demikian, Dairi menghasilkan puncak yang lebih rendah. Kondisi ini menunjukkan bahwa nilai kondisi awal tidak dapat digunakan sebagai satu-satunya indikator untuk menentukan tinggi puncak pada model. Interaksi antara kondisi awal, laju transmisi, dan laju pemulihan menentukan bentuk lintasan $I(t)$.

Dengan demikian, perbandingan pada Gambar 2 menunjukkan bahwa skenario dengan kondisi awal lebih rendah dapat menghasilkan puncak infeksi lebih tinggi apabila memiliki laju transmisi yang lebih besar. Temuan ini merupakan hasil utama dari analisis komparatif yang dilakukan.

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

4.3 Dinamika kompartemen SIR Simalungun



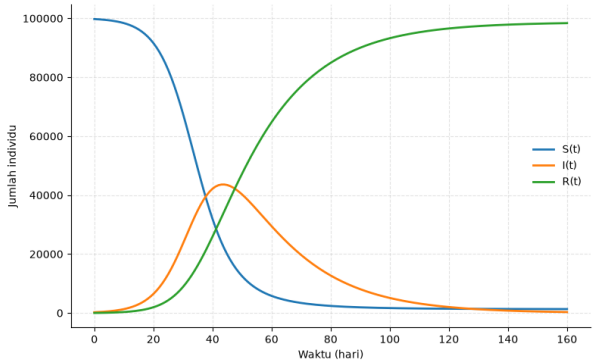
Gambar 3. Dinamika kompartemen SIR pada Kabupaten Simalungun

Gambar 3 menunjukkan perubahan tiga kompartemen model SIR pada Kabupaten Simalungun selama periode simulasi. Kelompok susceptible $S(t)$ mengalami penurunan seiring terjadinya perpindahan individu menuju kelompok infected dan recovered. Pada saat yang sama, kelompok infected $I(t)$ mengalami peningkatan pada fase awal hingga mencapai puncak pada hari ke-39, kemudian menurun setelah jumlah individu rentan semakin berkurang.

Kelompok recovered $R(t)$ menunjukkan kecenderungan meningkat sepanjang simulasi karena individu yang sebelumnya berada dalam kelompok infected berpindah menuju kelompok recovered dengan laju γ. Pola tersebut menunjukkan adanya hubungan langsung antarkompartemen: peningkatan infected pada fase awal disertai dengan penurunan susceptible, kemudian peningkatan recovered menjadi semakin dominan setelah fase puncak infeksi terlewati.

Dinamika tersebut memperlihatkan bahwa hasil pada Gambar 2 bukan merupakan kurva yang berdiri sendiri, tetapi merupakan bagian dari perubahan simultan ketiga kompartemen. Oleh sebab itu, interpretasi puncak infeksi perlu dikaitkan dengan berkurangnya populasi susceptible dan bertambahnya populasi recovered.

4.4 Dinamika kompartemen SIR Dairi



Gambar 4. Dinamika kompartemen SIR pada Kabupaten Dairi

Gambar 4 memperlihatkan dinamika $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$ pada Kabupaten Dairi. Secara umum, pola yang terbentuk sama dengan Simalungun, yaitu kelompok susceptible mengalami penurunan, kelompok infected mengalami peningkatan hingga mencapai puncak, dan kelompok recovered terus bertambah selama proses pemulihan berlangsung.

Perbedaan utama terletak pada waktu dan tinggi puncak infeksi. Dairi mencapai puncak $I(t)$ sebesar 43.604,73 pada hari ke-44. Waktu puncak yang lebih lambat dibandingkan Simalungun menunjukkan bahwa perpindahan populasi menuju kondisi infeksi dalam skenario Dairi berlangsung lebih lambat. Hal ini konsisten dengan nilai β Dairi yang lebih rendah.

Perbandingan Gambar 3 dan Gambar 4 menunjukkan bahwa struktur model yang sama dapat menghasilkan dinamika yang berbeda ketika kondisi awal dan parameter transmisinya berbeda. Dengan kata lain, perbedaan lintasan kedua wilayah bukan berasal dari perubahan bentuk model, tetapi dari konfigurasi parameter dan kondisi awal yang digunakan.

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

4.5 Perbandingan puncak dan waktu puncak

Hasil simulasi menunjukkan bahwa Simalungun memiliki puncak infeksi lebih tinggi daripada Dairi, yaitu masing-masing 51.290,91 dan 43.604,73 individu pada basis model 100.000 penduduk. Selisih kedua puncak tersebut sebesar 7.686,18 individu. Jika dibandingkan terhadap puncak Dairi, nilai tersebut setara dengan sekitar 17,6%.

Selain perbedaan tinggi puncak, terdapat perbedaan waktu terjadinya puncak. Simalungun mencapai puncak pada hari ke-39, sedangkan Dairi pada hari ke-44. Perbedaan lima hari tersebut memperlihatkan bahwa skenario Simalungun mengalami perkembangan infeksi yang lebih cepat.

Hasil tersebut dapat dijelaskan melalui kombinasi $I(0)$, β, dan γ. Walaupun Dairi memiliki $I(0)$ lebih tinggi, nilai β yang lebih rendah menyebabkan pertumbuhan infeksinya lebih lambat. Sebaliknya, Simalungun memiliki $I(0)$ lebih rendah tetapi β yang lebih tinggi sehingga menghasilkan R_0 lebih besar dan puncak infeksi yang lebih tinggi.

Namun, hasil ini tidak dapat langsung digunakan untuk menyatakan bahwa penularan DBD nyata di Simalungun lebih tinggi daripada Dairi. Parameter β dan γ dalam penelitian ini merupakan parameter skenario dan bukan hasil estimasi dari deret waktu kasus. Oleh karena itu, perbandingan tersebut harus dipahami sebagai perbandingan dinamika berdasarkan konfigurasi model yang digunakan.

Secara konseptual, hasil simulasi menunjukkan bahwa perbedaan laju transmisi dalam model dapat memengaruhi tinggi dan waktu terjadinya puncak infeksi. Temuan ini menegaskan pentingnya upaya pencegahan yang bertujuan mengurangi risiko penularan, termasuk pemberantasan sarang nyamuk dan keterlibatan masyarakat dalam menjaga lingkungan bebas jentik. Meskipun demikian, penelitian ini tidak memodelkan intervensi pengendalian secara eksplisit sehingga belum dapat mengukur efektivitas tindakan tertentu atau menentukan strategi pengendalian yang paling optimal bagi masing-masing kabupaten. Oleh karena itu, hasil penelitian dapat digunakan sebagai gambaran awal mengenai pentingnya pengurangan transmisi dalam skenario model, sedangkan penentuan kebijakan pengendalian yang spesifik memerlukan analisis lebih lanjut dengan mempertimbangkan data epidemiologis dan karakteristik lingkungan setempat.

4.6 Evaluasi ketelitian numerik

Evaluasi numerik dilakukan dengan membandingkan solusi Metode Heun terhadap solusi referensi yang dihitung menggunakan solver RK45 dengan toleransi numerik yang lebih ketat. Hasil evaluasi ditampilkan pada Tabel 3.

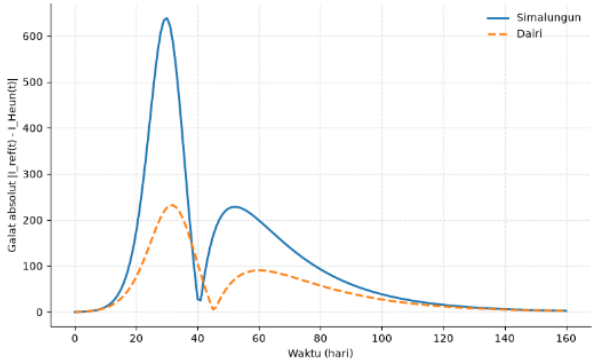
Tabel 3. Evaluasi ketelitian numerik metode Heun terhadap solusi referensi

Wilayah	MAE	MAPE	Puncak Heun	Hari Puncak Heun	Puncak Referensi	Hari Puncak Referensi
Simalungun	107,16	1,12%	51.290,91	39	51.379,31	39
Dairi	49,66	0,56%	43.604,73	44	43.630,83	43

Hasil pada Tabel 3 menunjukkan bahwa MAPE metode Heun sebesar 1,12% pada Simalungun dan 0,56% pada Dairi. Nilai tersebut menunjukkan bahwa hasil diskritisasi Heun memiliki kedekatan yang cukup baik terhadap solusi referensi untuk sistem, kondisi awal, dan parameter yang sama.

Pada Simalungun, nilai puncak Heun sebesar 51.290,91 dibandingkan dengan 51.379,31 pada solusi referensi. Selisihnya sebesar 88,41 individu atau sekitar 0,17% dari nilai puncak referensi. Kedua metode juga memberikan waktu puncak yang sama, yaitu hari ke-39.

Pada Dairi, puncak Heun sebesar 43.604,73 dibandingkan dengan 43.630,83 pada solusi referensi. Selisihnya hanya 26,10 individu atau sekitar 0,06% dari nilai puncak referensi. Perbedaan terdapat pada waktu puncak, yaitu Heun menghasilkan hari ke-44 sedangkan solusi referensi mencapai puncak pada hari ke-43. Perbedaan satu hari tersebut menunjukkan adanya pengaruh diskritisasi waktu dengan ukuran langkah satu hari, tetapi perbedaan tinggi puncaknya tetap sangat kecil.



p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

Gambar 5. Galat absolut metode Heun terhadap solusi referensi

Gambar 5 memperlihatkan perubahan galat absolut selama periode simulasi. Galat tidak bernilai konstan sepanjang waktu dan berubah mengikuti dinamika solusi model. Perbedaan tersebut menunjukkan bahwa kesalahan diskritisasi Heun dipengaruhi oleh perubahan kemiringan solusi selama perkembangan infeksi.

Secara keseluruhan, hasil MAE, MAPE, dan perbandingan puncak menunjukkan bahwa Metode Heun dengan $h = 1$ hari mampu memberikan hasil yang dekat dengan solusi referensi untuk parameter yang digunakan. Temuan ini mendukung penggunaan metode Heun sebagai pendekatan numerik dalam simulasi model SIR pada penelitian ini, sejalan dengan penelitian numerik model epidemiologi yang menunjukkan bahwa metode predictor-corrector dapat memberikan solusi yang lebih baik dibandingkan metode orde lebih rendah pada kondisi tertentu [2], [4], [5].

Perlu ditegaskan bahwa MAPE 1,12% dan 0,56% bukan berarti model memiliki akurasi prediksi kasus DBD sebesar 98,88% dan 99,44%. Nilai tersebut merupakan ukuran kesalahan numerik antara solusi Heun dan solusi referensi. Validasi epidemiologis terhadap kondisi DBD aktual memerlukan data kasus deret waktu dan estimasi parameter epidemiologis yang sesuai. Pemisahan kedua jenis evaluasi tersebut telah ditetapkan pada metodologi penelitian.

4.7 Keterbatasan model dan interpretasi hasil

Interpretasi hasil penelitian perlu mempertimbangkan keterbatasan model dan data. Pertama, data yang tersedia berupa *incidence rate* per 100.000 penduduk sehingga nilai tersebut digunakan sebagai proksi kondisi awal $I(0)$. Dengan demikian, jumlah individu terinfeksi yang diperoleh dari simulasi tidak dapat dipandang sebagai jumlah kasus aktual pada masing-masing kabupaten. Hasil simulasi merepresentasikan dinamika populasi pada basis model 100.000 penduduk.

Kedua, nilai β dan γ ditetapkan sebagai parameter skenario, sehingga hasil perbandingan menggambarkan respons sistem terhadap parameter yang digunakan. Penggunaan data deret waktu aktual pada penelitian lanjutan akan memungkinkan estimasi parameter secara empiris dan dapat memberikan dasar yang lebih kuat untuk validasi epidemiologis.

Ketiga, model SIR yang digunakan merupakan penyederhanaan dari mekanisme penularan DBD karena hanya mempertimbangkan tiga kompartemen manusia. Model belum memasukkan populasi nyamuk, faktor musiman, kelahiran, kematian alami, maupun migrasi. Penelitian mengenai model SIRS dan SIR-SI menunjukkan bahwa penambahan struktur vektor dan kompartemen lain dapat memberikan representasi yang lebih kompleks terhadap dinamika DBD.

Selain keterbatasan struktur model, dinamika penyebaran DBD di lapangan juga dapat berkaitan dengan karakteristik lingkungan dan kondisi masing-masing wilayah. Kajian mengenai kerawanan DBD secara spasial menunjukkan pentingnya mempertimbangkan variasi karakteristik wilayah dalam analisis penyakit, sedangkan peran masyarakat dalam pemberantasan sarang nyamuk relevan dalam upaya pencegahan DBD (Purba dkk., 2022; Hutapea & Husein, 2025; Orien dkk., 2023). Namun, penelitian ini tidak memasukkan data lingkungan, kepadatan vektor, maupun karakteristik masyarakat sebagai variabel model. Oleh karena itu, perbedaan puncak infeksi antara Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi dalam penelitian ini dijelaskan berdasarkan kondisi awal dan parameter skenario yang digunakan, bukan sebagai bukti empiris bahwa faktor lingkungan tertentu menyebabkan perbedaan tersebut.

Meskipun demikian, model yang digunakan mampu menunjukkan perbedaan dinamika yang jelas antara kedua skenario wilayah. Hasil utama menunjukkan bahwa skenario Simalungun menghasilkan puncak infeksi lebih tinggi dan lebih cepat dibandingkan Dairi karena memiliki parameter transmisi β dan nilai R_0 yang lebih besar, meskipun nilai $I(0)$-nya lebih rendah. Di sisi numerik, Metode Heun dengan langkah satu hari menghasilkan solusi yang dekat dengan solusi referensi berdasarkan nilai MAE dan MAPE. Nilai MAPE sebesar 1,12% untuk Simalungun dan 0,56% untuk Dairi menunjukkan ketelitian solusi Heun terhadap solusi referensi RK45, bukan tingkat kesesuaian model terhadap data kasus DBD aktual.

5. KESIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil pemodelan dan simulasi model SIR non-linear pada basis 100.000 penduduk, dapat disimpulkan bahwa terdapat perbedaan dinamika penyebaran DBD antara Kabupaten Simalungun dan Kabupaten Dairi berdasarkan parameter dan kondisi awal yang digunakan. Kabupaten Simalungun memiliki nilai laju transmisi $\beta = 0{,}28$ per hari dan menghasilkan $R_0 = 5{,}60$, sedangkan Kabupaten Dairi memiliki $\beta = 0{,}22$ per hari dengan $R_0 = 4{,}40$. Nilai tersebut menunjukkan bahwa kedua skenario memiliki

p-ISSN : 2808-909X e-ISSN : 2798-2505

kecenderungan pertumbuhan infeksi pada fase awal simulasi, dengan karakteristik transmisi model Simalungun lebih tinggi.

Hasil simulasi menggunakan Metode Heun menunjukkan bahwa Kabupaten Simalungun mencapai puncak infeksi sebesar 51.290,91 individu pada hari ke-39, sedangkan Kabupaten Dairi mencapai puncak sebesar 43.604,73 individu pada hari ke-44. Meskipun kondisi awal terinfeksi yang digunakan pada Dairi lebih tinggi, yaitu 243,5 per 100.000 penduduk dibandingkan 66,1 per 100.000 penduduk pada Simalungun, puncak infeksi Dairi lebih rendah dan terjadi lebih lambat. Hal ini menunjukkan bahwa dalam skenario model yang digunakan, nilai laju transmisi β berperan penting dalam menentukan tinggi dan waktu terjadinya puncak infeksi.

Nilai *Herd Immunity Threshold* (HIT) teoritis yang diperoleh adalah 82,14% pada Simalungun dan 77,27% pada Dairi. Nilai tersebut merupakan karakteristik teoritis model SIR homogen dan tidak dapat diinterpretasikan sebagai persentase penduduk yang diprediksi akan terinfeksi di lapangan.

Dari sisi ketelitian numerik, Metode Heun dengan ukuran langkah satu hari menghasilkan MAE sebesar 107,16 dan MAPE sebesar 1,12% untuk Simalungun, serta MAE sebesar 49,66 dan MAPE sebesar 0,56% untuk Dairi terhadap solusi referensi. Hasil tersebut menunjukkan bahwa metode Heun memberikan solusi yang dekat dengan solusi referensi pada sistem, kondisi awal, dan parameter yang digunakan. Evaluasi ini merupakan evaluasi ketelitian numerik dan bukan validasi epidemiologis terhadap kasus DBD aktual.

Secara keseluruhan, penelitian menunjukkan bahwa model SIR non-linear dan Metode Heun dapat digunakan untuk menggambarkan dan membandingkan dinamika simulasi DBD pada dua skenario wilayah. Namun, hasil yang diperoleh tetap terbatas pada asumsi model, basis populasi, dan parameter yang digunakan dalam penelitian.

Penelitian selanjutnya disarankan menggunakan data kasus DBD dalam bentuk deret waktu agar parameter β dan γ dapat diestimasi berdasarkan kondisi epidemiologis aktual. Penentuan jumlah kasus aktif yang terdefinisi secara jelas sebagai kondisi awal juga diperlukan agar interpretasi $I(0)$ lebih representatif. Selain itu, analisis sensitivitas terhadap parameter transmisi β dan pemulihan γ dapat dilakukan untuk mengetahui pengaruh perubahan parameter terhadap dinamika dan puncak infeksi. Model juga dapat dikembangkan dengan memasukkan populasi nyamuk sebagai vektor penularan, faktor musiman, serta struktur kompartemen yang lebih kompleks untuk memperoleh representasi dinamika DBD yang lebih lengkap. Pengujian dengan variasi ukuran langkah dan metode numerik lainnya juga dapat dilakukan untuk memperluas evaluasi ketelitian dan efisiensi komputasi.

DAFTAR PUSTAKA

[1] R. Hutapea, I. Husein, P. Studi Matematika, F. Sains dan Teknologi, and U. Islam Negeri Sumatera Utara, "MODEL KOEFISIEN BERVARIASI SPASIAL BAYESIAN UNTUK MEMPERKIRAKAN RISIKO RELATIF PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE DI KOTA MEDAN," *Jurnal Matematika Juli*, vol. 5, 2025, [Online]. Available: https://ejurnal.unisap.ac.id/leibniz/index

[2] Z. A. Leleury, Y. A. Lesnussa, J. B. Bension, and Y. S. Kakisina, "Analisis Stabilitas Model SIR (Susceptibles, Infected, Recovered) Pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue di Provinsi Maluku," *Jurnal Matematika*, vol. 7, no. 2, p. 144, Jan. 2018, doi: 10.24843/jmat.2017.v07.i02.p91.

[3] L. Ian Setiawan, S. Mungkasi, J. Pendidikan Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, and F. Keguruan, "PENYELESAIAN MODEL EPIDEMI SIR MENGGUNAKAN METODE RUNGE-KUTTA ORDE EMPAT DAN METODE ADAMS-BASHFORTH-MOULTON," *KOMPUTASI: Jurnal Ilmiah Ilmu Komputer dan Matematika*, vol. 18, no. 2, pp. 55–61, 2021, [Online]. Available: https://journal.unpak.ac.id/index.php/komputasi

[4] T. Demir and H. H. Tosunoğlu, "Analysis of a Deterministic SIR Model with Numerical Simulations for Infectious Disease Dynamics," Dec. 09, 2025. doi: 10.21203/rs.3.rs-8293149/v1.

[5] J. Hadisusanto and S. Mungkasi, "Penyelesaian Model Epidemiologi SIR Menggunakan Metode Runge-Kutta Orde Tiga dan Metode Adams-Bashforth Orde Tiga," 2023. [Online]. Available: http://www.ojs.unm.ac.id/jmathcos

[6] D. Iskandar and O. Chee Tiong, "The Application of Runge Kutta Fourth Order Method in SIR Model for simulation of COVID-19 Cases," 2022.

[7] R. Ashgi, M. Andhika, A. Pratama, and S. Purwani, "Comparison of Numerical Simulation of Epidemiological Model between Euler Method with 4 th Order Runge Kutta Method," *International Journal of Global Operations Research*, vol. 2, no. 1, pp. 37–44, 2021, [Online]. Available: http://www.iorajournal.org/index.php/ijgor/index

[8] N. Octamandhani, S. A. Salsabila, N. Hafizh Wahdiyat, T. R. Kurniawan, and K. Kunci, "Akurasi Metode Euler Dan Heun Pada Simulasi Numerik Model SIR Dan Efektivitas Intervensi," *Indonesian Journal of Innovation Multidisipliner Research*, vol. 4, 2006.

[9] W. Sanusi, M. I. Pratama, M. Rifandi, S. Sidjara, Irwan, and S. Side, "Numerical Solution of SIRS model for Dengue Fever Transmission in Makassar Citywith Runge Kutta Method," in *Journal of Physics: Conference Series*, IOP Publishing Ltd, Feb. 2021. doi: 10.1088/1742-6596/1752/1/012004.

[10] S. Nisa, Irwan, and I. Syata, "PENERAPAN METODE RUNGE-KUTTA ORDE 4 MODEL PENYEBARAN DEMAM BERDARAH DENGUE DI KOTA MAKASSAR [Application of The Runge Kutta Method of Order 4 to The Model of The Spread of Dengue Hemorrhagic Fever in Makassar City]," 2024. [Online]. Available: https://jurnal.yalamqa.com/index.php/aqlu

[11] L. Verma, R. Meher, O. Nikan, and A. A. Al-Saedi, "Numerical study on fractional order nonlinear SIR-SI model for dengue fever epidemics," *Sci. Rep.*, vol. 15, no. 1, Dec. 2025, doi: 10.1038/s41598-025-16599-w.

[12] R. Tarigan and P. Sitompul, "Stability Analysis and Optimal Control of the SEIR-SI Model for the Spread of Dengue Hemorrhagic Fever with Treatment Control," *Jurnal Matematika, Statistika dan Komputasi*, vol. 23, no. 1, pp. 147–64, Sep. 2026, doi: 10.20956/f1p6zr54.

[13] M. Umar, Z. Sabir, M. A. Z. Raja, and Y. G. Sánchez, "A stochastic numerical computing heuristic of SIR nonlinear model based on dengue fever," *Results Phys.*, vol. 19, Dec. 2020, doi: 10.1016/j.rinp.2020.103585.

[14] S. Rica and G. A. Ruz, "Estimating SIR model parameters from data using differential evolution: An application with COVID-19 data," in *2020 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, CIBCB 2020*, Institute of Electrical and Electronics Engineers Inc., Oct. 2020. doi: 10.1109/CIBCB48159.2020.9277708.

[15] Coni Orien, Nur Ayisah Hutabarat, Novena Sanidra Silitonga, and Jatmika Nonifili Harefa, "Peran Masyarakat dalam Lingkungan Bebas Jentik dengan Insiden Rate Kasus DBD di Sumut Tahun 2021," *INSOLOGI: Jurnal Sains dan Teknologi*, vol. 2, no. 1, pp. 8–14, Feb. 2023, doi: 10.55123/insologi.v2i1.1225.

[16] S. Purba, N. Khalik, and S. M. Indirawati, "Analisis Sebaran Spasial Kerawanan Penyakit Demam Berdarah Dengue di Kota Medan," *Jurnal Health Sains*, vol. 3, no. 1, pp. 129–137, Jan. 2022, doi: 10.46799/jhs.v3i1.289.