

Simulasi Model Epidemi *Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Recovered-Susceptible Infected* pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah *Dengue*

***Dian Prihatiningsih, Respatiwan, Sri Subanti**

Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret

e-mail: dianpri121@student.uns.ac.id

ABSTRAK

Penyebaran penyakit menular yang meluas dan terjadi dalam jangka waktu tertentu disebut dengan epidemi. Demam berdarah *dengue* merupakan penyakit yang menular melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* atau *Aedes albopictus* yang telah terinfeksi virus *dengue*. Penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* pada populasi manusia terbagi menjadi kelompok manusia *susceptible* (S_h), manusia *infected* (I_h), dan manusia *recovered* (R_h), serta pada populasi nyamuk terbagi menjadi kelompok nyamuk *susceptible* (S_m), dan nyamuk *infected* (I_m). Manusia yang terinfeksi *dengue* dapat sembuh dan memiliki kekebalan permanen, sedangkan nyamuk yang terinfeksi akan membawa virus tersebut selama hidupnya. Perubahan jumlah individu kedua populasi ditinjau mengikuti proses Markov waktu diskrit atau disebut *Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Recovered-Susceptible Infected* (DTMC SIR-SI). Penelitian ini menyimulasikan model epidemi DTMC SIR-SI dengan menentukan probabilitas transisi, asumsi, variabel acak, serta parameter yang digunakan. Hasil simulasi menyatakan bahwa memperkecil laju kontak antara nyamuk-manusia ($\beta_h b$) dapat memperlambat perluasan penyebaran epidemi dengan cara mengurangi jumlah individu yang terinfeksi. Selain itu, pengendalian epidemi dapat dilakukan dengan memperbesar laju kesembuhan (γ_h) untuk mempercepat proses pemulihan individu terinfeksi.

Kata kunci: epidemi, demam berdarah *dengue*, *discrete time markov chain*

ABSTRACT

The spread of infectious diseases that occurs over a specific period and affects a population is called an epidemic. Dengue Hemorrhagic Fever is a disease transmitted through the bite of *Aedes aegypti* or *Aedes albopictus* mosquitoes infected with the dengue virus. The transmission of dengue hemorrhagic fever in human population is divided into susceptible human (S_h), infected human (I_h), and recovered human (R_h), while in mosquito population is divided into susceptible mosquitoes (S_m) and infected mosquitoes (I_m). Human can recover and gain permanent immunity, while an infected mosquito will carry the virus throughout their lifetime. Changes in the number of individuals in both populations can be studied using a discrete-time Markov process, known as the Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Recovered-Susceptible Infected (DTMC SIR-SI) model. The study simulates the DTMC SIR-SI epidemiological model by determining transition probabilities, assumptions, random variables, and the relevant parameters used. The simulation results indicate that reducing the contact rate between mosquitoes and humans ($\beta_h b$) can slow the spread of the epidemic by decreasing the number of infected individuals. Furthermore, epidemic control can be achieved by increasing recovery rate (γ_h) to accelerate the recovery process of infected individuals.

Keywords: epidemic, dengue hemorrhagic fever, *discrete time markov chain*

PENDAHULUAN

Epidemi dapat terjadi ketika terdapat penyakit menular yang menyebar luas pada satu populasi dalam jangka waktu tertentu (Merrill, 2024). Epidemi penyakit menular dapat menyebar secara langsung maupun melalui perantara agen peyebab penyakit seperti virus, bakteri, jamur, atau parasit. Epidemi dapat digambarkan dengan menggunakan model matematis yang berfungsi sebagai alat penting untuk menganalisis bagaimana penyakit menular menyebar dan bagaimana cara pengendaliannya (Hethcote, 2000).

Salah satu penyakit menular yang dapat menjadi epidemi adalah penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD). Menurut WHO (2023), penyebaran penyakit DBD ditularkan pada manusia melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* atau *Aedes albopictus* yang telah terinfeksi oleh virus *dengue* (DENV). Penyakit DBD banyak ditemui di daerah dengan iklim tropis dan subtropis, khususnya pada klaster perkotaan. Gejala yang muncul setelah manusia terinfeksi virus DENV yaitu demam, munculnya ruam atau bintik-bintik pada kulit, serta dapat mengalami penurunan kesadaran dan mimisan (Sitio, 2008).

Allen (2008) melakukan penelitian yang mengkaji model matematika dengan pendekatan probabilistik menggunakan *Discrete Time Markov Chain* (DTMC). Model ini memberikan gambaran penyebaran penyakit ketika perubahan keadaan individu dapat diprediksi berdasarkan probabilitas transisi dalam waktu diskrit.

Pola penyebaran penyakit DBD terjadi saat individu terinfeksi dapat sembuh dengan kekebalan permanen dari virus. Hal ini dapat dinyatakan dengan model epidemiologi SIR, di mana individu yang rentan (*susceptible*) dapat terinfeksi (*infected*) oleh virus DENV dan kemudian dapat sembuh (*recovered*) dengan kekebalan permanen. Nyamuk yang telah terinfeksi virus akan membawa virus sepanjang hidupnya. Fenomena penyebaran pada nyamuk ini dinyatakan dengan model epidemiologi SI, di mana nyamuk yang rentan (*susceptible*) dapat terinfeksi (*infected*) virus dan membawa virus tersebut hingga mati.

Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan dan menyimulasikan model epidemi DTMC SIR-SI dengan mempertimbangkan penyebaran penyakit DBD pada populasi manusia dan nyamuk. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan pemahaman yang lebih mendalam mengenai dinamika penyebaran penyakit DBD serta hasilnya dapat digunakan untuk merancang strategi pengendalian yang lebih efektif untuk menanggulangi penyebarannya.

METODE

Penelitian ini mengeksplorasi dan menganalisis berbagai referensi tentang model epidemi DTMC SIR-SI yang diterapkan pada penyakit DBD. Berikut adalah langkah-langkah yang digunakan dalam penelitian ini:

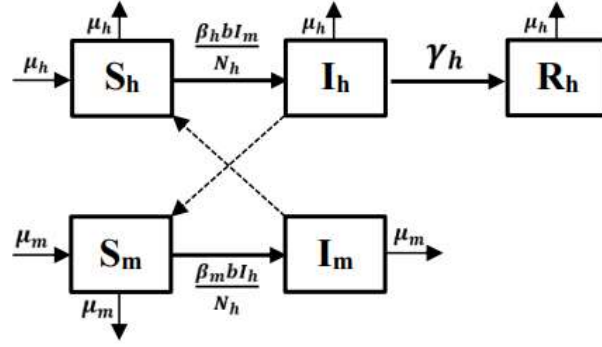
1. Penurunan ulang model epidemi DTMC SIRS-SI
 - a. Menentukan asumsi, variabel acak, dan parameter yang sesuai dengan model.
 - b. Menentukan probabilitas transisi model.
2. Simulasi model epidemi DTMC SIR-SI
 - a. Menentukan nilai awal, nilai parameter laju kontak, laju kesembuhan, serta laju kelahiran dan kematian yang merujuk pada Profil Kesehatan Indonesia tahun 2021-2023 dan penelitian Sanusi dkk. (2021).
 - b. Membangkitkan data dengan distribusi *uniform* diskrit dan melakukan simulasi model.
 - c. Menginterpretasikan hasil simulasi.

HASIL

Asumsi yang digunakan untuk menganalisis pola penyebaran penyakit DBD dengan menggunakan model DTMC SIR-SI adalah sebagai berikut:

1. Penyebaran penyakit diamati pada dua populasi, yaitu populasi manusia dan populasi nyamuk.
2. Penyakit menyebar dalam populasi tertutup.
3. Populasi homogen
4. Hanya ada satu jenis penyakit yang menyebar.
5. Laju kelahiran dan kematian dianggap sama.

Populasi pada model SIR-SI terdiri dari populasi manusia dengan kelompok rentan (S_h), terinfeksi (I_h), dan sembuh (R_h), serta populasi nyamuk dengan kelompok rentan kelompok (S_m), dan terinfeksi (I_m). Penyebaran penyakit terjadi apabila terdapat perpindahan manusia dari kelompok rentan ke terinfeksi dengan laju penularan penyakit sebesar $\frac{\beta_h b I_m}{N_h}$ dan dari kelompok terinfeksi ke sembuh dengan laju kesembuhan sebesar γ_h , serta perpindahan nyamuk dari kelompok rentan ke terinfeksi dengan laju penularan penyakit sebesar $\frac{\beta_m b I_h}{N_h}$. Laju kelahiran dan kematian dianggap sama pada kedua populasi, yaitu μ_h untuk populasi manusia dan μ_m untuk populasi nyamuk. Skema model SIR-SI dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1. Skema Model SIR-SI pada Penyakit DBD

Model DTMC SIR-SI diterapkan pada dua populasi konstan, N_h adalah jumlah populasi manusia dan N_m adalah jumlah populasi nyamuk. Variabel acak independen dalam populasi manusia adalah $S_h(t)$ dan $I_h(t)$, dengan nilai $R_h(t) = N_h - S_h(t) - I_h(t)$. Variabel acak independen dalam populasi nyamuk adalah $I_m(t)$, dengan nilai $S_m(t) = N_m - I_m(t)$. Jika jumlah individu $S_h(t) = s_h$, $I_h(t) = i_h$, $S_m(t) = s_m$, dan $I_m(t) = i_m$, maka fungsi probabilitas bersama model DTMC SIR-SI dituliskan pada persamaan (1)

$$p_{(s_h, i_h, s_m, i_m)}(t) = P\{S_h(t) = s_h, I_h(t) = i_h, S_m(t) = s_m, I_m(t) = i_m\} \quad (1)$$

dengan $s_h, i_h = 0, 1, 2, \dots, N_h$; $s_m, i_m = 0, 1, 2, \dots, N_m$; dan $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$

Apabila perubahan jumlah individu dalam selang waktu Δt pada kelompok S_h sebesar j , kelompok I_h sebesar k , kelompok S_m sebesar m , dan kelompok I_m sebesar n , maka probabilitas transisi dari s_h ke $s_h + j$, dari i_h ke $i_h + k$, dari s_m ke $s_m + m$, dan dari i_m ke $i_m + n$ dapat dinyatakan dalam persamaan (2)

$$\begin{aligned} & p_{(s_h+j, i_h+k, s_m+m, i_m+n), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) \\ &= P\{(S_h(t + \Delta t) = s_h + j, I_h(t + \Delta t) = i_h + k, S_m(t + \Delta t) = s_m + m, \\ & \quad I_m(t + \Delta t) = i_m + n) \mid (S_h(t) = s_h, I_h(t) = i_h, S_m(t) = s_m, I_m(t) = i_m)\} \end{aligned} \quad (2)$$

dengan Δt terjadi pada selang waktu yang sangat kecil, sehingga paling banyak ada satu individu yang berpindah dari keadaan (s_h, i_h, s_m, i_m) ke $(s_h + j, i_h + k, s_m + m, i_m + n)$.

Perpindahan dari keadaan (s_h, i_h, s_m, i_m) ke $(s_h - 1, i_h + 1, s_m, i_m)$ terjadi ketika satu manusia beralih dari kelompok rentan ke kelompok terinfeksi dengan laju penularan sebesar $\frac{\beta_h b i_m}{N_h}$ dalam selang waktu Δt . Probabilitas transisinya dituliskan pada persamaan (3).

$$p_{(s_h-1, i_h+1, s_m, i_m), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) = \frac{\beta_h b i_m}{N_h} s_h \Delta t \quad (3)$$

Perpindahan dari keadaan (s_h, i_h, s_m, i_m) ke $(s_h, i_h - 1, s_m, i_m)$ terjadi ketika satu manusia beralih dari kelompok terinfeksi ke kelompok rentan dengan laju kesembuhan penyakit sebesar γ_h dalam selang waktu Δt . Probabilitas transisinya dituliskan pada persamaan (4).

$$p_{(s_h, i_h - 1, s_m, i_m), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) = \gamma_h i_h \Delta t \quad (4)$$

Perpindahan dari keadaan (s_h, i_h, s_m, i_m) ke $(s_h, i_h, s_m - 1, i_m + 1)$ terjadi ketika seekor nyamuk beralih dari kelompok rentan ke kelompok terinfeksi dengan laju penularan sebesar $\frac{\beta_m b i_h}{N_h}$ dalam selang waktu Δt . Probabilitas transisinya dituliskan pada persamaan (5).

$$p_{(s_h, i_h, s_m - 1, i_m + 1), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) = \frac{\beta_m b i_h}{N_h} s_m \Delta t \quad (5)$$

Perpindahan dari keadaan (s_h, i_h, s_m, i_m) ke $(s_h, i_h, s_m, i_m - 1)$ terjadi ketika seekor nyamuk dari kelompok terinfeksi berkurang satu karena terdapat kematian pada nyamuk, sesuai dengan asumsi bahwa laju kelahiran dan kematian nyamuk dianggap sama dalam selang waktu Δt . Probabilitas transisinya dituliskan pada persamaan (6).

$$p_{(s_h, i_h, s_m, i_m - 1), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) = \mu_m i_m \Delta t \quad (6)$$

Perpindahan dari keadaan (s_h, i_h, s_m, i_m) ke (s_h, i_h, s_m, i_m) terjadi ketika jumlah individu kedua populasi tidak berubah dalam selang waktu Δt . Probabilitas transisinya dituliskan pada persamaan (7)

$$p_{(s_h, i_h, s_m, i_m), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) = 1 - w \Delta t \quad (7)$$

dengan $w = (\frac{\beta_h b i_m}{N_h} s_h + \gamma_h i_h + \frac{\beta_m b i_h}{N_h} s_m + \mu_m i_m)$.

Sehingga, probabilitas transisi model DTMC SIR-SI dapat dinyatakan oleh persamaan (8) berikut,

$$p_{(s_h + j, i_h + k, s_m + m, i_m + n), (s_h, i_h, s_m, i_m)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta_h b i_m}{N_h} s_h \Delta t, & (s_h, i_h, s_m, i_m) = (-1, 1, 0, 0) \\ \gamma_h i_h \Delta t, & (s_h, i_h, s_m, i_m) = (0, -1, 0, 0) \\ \frac{\beta_m b i_h}{N_h} s_m, & (s_h, i_h, s_m, i_m) = (0, 0, -1, 1) \\ \mu_m i_m, & (s_h, i_h, s_m, i_m) = (0, 0, 0, -1) \\ 1 - w \Delta t, & (s_h, i_h, s_m, i_m) = (0, 0, 0, 0) \\ 0 & \text{yang lain} \end{cases} \quad (8)$$

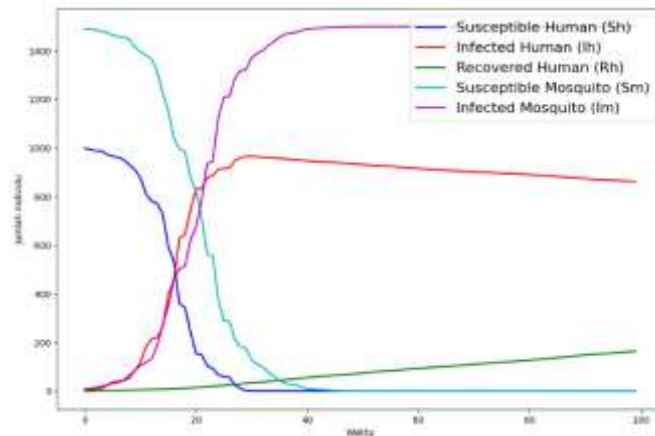
dengan $S_h(0) > 0, I_h(0) > 0, R_h(0) \geq r_h, S_m(0) > 0$, dan $I_m(0) > 0$, serta $\beta_h b, \gamma_h, \theta_h$, dan $\beta_m b$ bernilai positif.

Penentuan estimasi nilai parameter simulasi model DTMC SIR-SI pada pola penyebaran penyakit DBD adalah dengan menggunakan data jumlah kasus sembuh dibagi dengan jumlah kasus terinfeksi penyakit DBD dari laporan Profil Kesehatan Indonesia tahun 2021-2023 untuk menghitung estimasi laju kesembuhan ($\widehat{\gamma}_h$), dan menggunakan data tahunan kelahiran hidup bayi dibagi dengan jumlah penduduk Indonesia tahun 2021-2023 untuk mengestimasi laju kelahiran dan kematian manusia ($\widehat{\mu}_h$), sedangkan parameter laju kontak antara nyamuk terinfeksi dan manusia rentan ($\beta_h b$), laju kontak antara manusia terinfeksi dan nyamuk rentan ($\beta_m b$), dan laju kelahiran dan kematian nyamuk mengacu pada penelitian Sanusi dkk. (2021). Nilai awal dan parameter yang digunakan disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Nilai Awal dan Parameter Simulasi Model DTMC SIRS-SI

Parameter	Keterangan	Nilai	Satuan
$\beta_h b$	Laju kontak nyamuk-manusia	$7,5 \times 10^{-1}$	manusia
$\beta_m b$	Laju kontak manusia-nyamuk	$3,75 \times 10^{-1}$	nyamuk
$\widehat{\gamma}_h$	Laju kesembuhan	$2,716 \times 10^{-3}$	manusia per hari
$\widehat{\mu}_h$	Laju kelahiran dan kematian manusia	$4,267 \times 10^{-5}$	manusia per hari
$\widehat{\mu}_m$	Laju kelahiran dan kematian nyamuk	$1,077 \times 10^{-3}$	nyamuk per hari
N_h	Total populasi manusia	1000	manusia
N_m	Total populasi nyamuk	1500	nyamuk
$S_h(0)$	Jumlah awal manusia <i>susceptible</i>	999	manusia
$I_h(0)$	Jumlah awal manusia <i>infected</i>	1	manusia
$R_h(0)$	Jumlah awal manusia <i>recovered</i>	0	manusia
$S_m(0)$	Jumlah awal nyamuk <i>susceptible</i>	1490	nyamuk
$I_m(0)$	Jumlah awal nyamuk <i>infected</i>	10	nyamuk
t	Waktu	100	hari

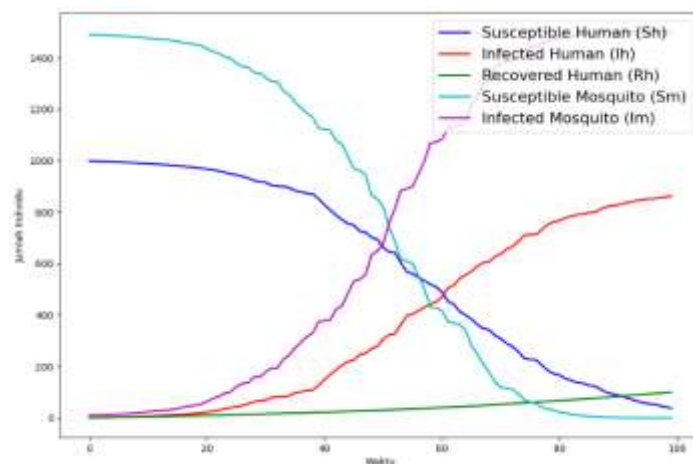
Berdasarkan nilai awal dan parameter yang ditentukan sebelumnya, diperoleh hasil simulasi model DTMC SIR-SI pada Gambar 2.



Gambar 2. Hasil Simulasi Awal Model DTMC SIR-SI pada Pola Penyebaran Penyakit DBD

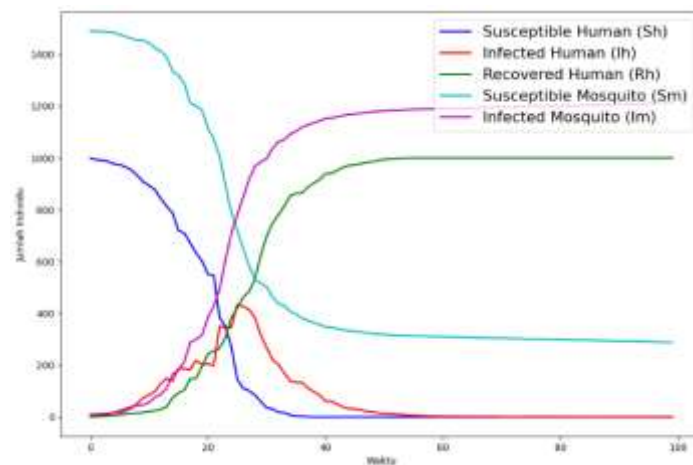
Gambar 2 menunjukkan bahwa jumlah manusia dalam kelompok *susceptible* menurun drastis sejak hari ke-14 dan akan habis pada hari ke-31, berbanding terbalik dengan jumlah manusia dalam kelompok *infected* yang meningkat pesat hingga hari ke-29, lalu menurun perlahan. Sementara itu, jumlah manusia *recovered* terus meningkat perlahan hingga akhir simulasi. Jumlah nyamuk dalam kelompok *susceptible* menurun drastis dan habis pada hari ke-49, sedangkan jumlah nyamuk *infected* terus meningkat hingga seluruh populasi nyamuk terinfeksi virus *dengue* pada hari yang sama. Puncak epidemi terjadi pada hari ke-29 dengan 966 orang terinfeksi, dan meskipun simulasi berakhir pada hari ke-100, epidemi masih berlanjut karena manusia terinfeksi masih ada.

Simulasi model DTMC SIR-SI dilakukan dengan dua kali perlakuan, yaitu dengan memperkecil laju kontak nyamuk-manusia ($\beta_h b$) dan memperbesar laju kesembuhan (γ_h). Hal ini dilakukan untuk melihat pengaruh parameter tersebut pada penyebaran penyakit DBD.



Gambar 3. Hasil Simulasi Model DTMC SIR-SI dengan parameter $\beta_h b = 7,5 \times 10^{-2}$,
 $\beta_m b = 3,75 \times 10^{-1}$, dan $\gamma_h = 2,716 \times 10^{-3}$

Gambar 3 menunjukkan hasil simulasi model dengan memperkecil laju kontak nyamuk-manusia ($\beta_h b$). Jumlah manusia dalam kelompok *susceptible* terus menurun, sementara jumlah manusia kelompok *infected* meningkat hingga akhir simulasi. Manusia dalam kelompok *recovered* meningkat perlahan hingga akhir simulasi. Nyamuk dalam kelompok *susceptible* menurun drastis dan habis pada hari ke-91, sedangkan nyamuk *infected* terus meningkat hingga seluruh populasi terinfeksi pada hari yang sama. Puncak epidemi terjadi pada hari ke-99, dengan 862 orang terinfeksi. Simulasi berakhir pada hari ke-100, namun epidemi masih berlangsung karena manusia dan nyamuk terinfeksi masih ada.



Gambar 4. Hasil Simulasi Model DTMC SIR-SI dengan parameter $\beta_h b = 7,5 \times 10^{-1}$, $\beta_m b = 3,75 \times 10^{-1}$, dan $\gamma_h = 2,716 \times 10^{-1}$

Gambar 4 menunjukkan hasil simulasi model dengan memperbesar laju kesembuhan (γ_h). Jumlah manusia pada kelompok *susceptible* menurun drastis sejak awal simulasi hingga habis pada hari ke-38, sementara jumlah manusia kelompok *recovered* meningkat signifikan hingga seluruh populasi sembuh pada hari ke-54. Jumlah manusia yang terinfeksi terus naik hingga mencapai puncak pada hari ke-25 dengan 435 kasus, lalu menurun dan stabil pada hari ke-53. Jumlah nyamuk dalam kelompok *susceptible* menurun signifikan pada awal simulasi dan mulai menurun perlahan sejak hari ke-44, sementara nyamuk dalam kelompok *infected* meningkat pesat pada awal simulasi dan mulai menurun perlahan sejak hari yang sama. Epidemi akan terus berlanjut hingga hari ke-100 karena masih ada manusia dan nyamuk yang terinfeksi.

PEMBAHASAN

Penelitian ini mengembangkan model epidemi SIR-SI dengan pendekatan deterministik yang dilakukan oleh Sanusi dkk. (2021), menjadi model epidemi *Discrete Time Markov Chain* (DTMC) SIR-SI yang memberikan analisis menggunakan pendekatan stokastik. Pendekatan

ini mempertimbangkan ketidakpastian dalam transisi antarindividu pada populasi manusia dan nyamuk, sehingga dapat menggambarkan dinamika penyebaran penyakit DBD dengan lebih realistis. Hasil simulasi awal model DTMC SIR-SI menunjukkan bahwa jumlah manusia dan nyamuk yang terinfeksi DBD meningkat seiring waktu sehingga penyakit tetap menjadi endemik dalam populasi. Berdasarkan hasil tersebut, dilakukan simulasi dengan mengubah nilai parameter laju kontak nyamuk-manusia ($\beta_h b$) dan laju kesembuhan (γ_h) untuk melihat perubahan penyebaran penyakit pada masing masing kelompok individu. Simulasi dengan menurunkan laju kontak nyamuk-manusia ($\beta_h b$) memberikan pengaruh signifikan karena jumlah individu terinfeksi pada kedua populasi lebih sedikit, akibatnya penyebaran penyakit DBD menjadi lebih lambat. Meningkatkan nilai laju kesembuhan (γ_h) pada simulasi mengakibatkan manusia lebih cepat pulih sehingga jumlah orang yang terinfeksi *dengue* lama kelamaan akan habis. Kedua perlakuan tersebut dapat dilakukan bersama untuk mempercepat berakhirnya epidemi dalam populasi manusia dan nyamuk. Hal ini sejalan dengan penelitian Side dkk. (2019), yang juga menunjukkan bahwa pola penyebaran DBD cenderung bertahan sebagai endemik, terutama jika faktor-faktor utama seperti laju kontak nyamuk-manusia tetap tinggi dan laju kesembuhan lebih kecil.

SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan, probabilitas transisi model DTMC SIR-SI dapat dinyatakan dalam persamaan (8). Simulasi model yang dilakukan memberikan kesimpulan bahwa dengan memperkecil laju kontak antara nyamuk-manusia ($\beta_h b$) dapat memperlambat penyebaran dan perluasan penyakit DBD. Selain itu, dengan memperbesar laju kesembuhan (γ_h) dapat mengurangi jumlah manusia yang terinfeksi karena proses penyembuhan akan lebih cepat terjadi. Pentingnya upaya preventif seperti pengendalian jumlah nyamuk dan edukasi untuk mengurangi kontak antara manusia dan nyamuk dapat secara signifikan menekan penyebaran penyakit DBD. Ketersediaan layanan kesehatan yang responsif, aksesibilitas terhadap fasilitas medis, serta penyediaan obat dan tenaga medis yang memadai dapat mempercepat proses penyembuhan sehingga jumlah kasus infeksi dapat ditekan.

Penelitian selanjutnya diharapkan dapat memberikan parameter tambahan dalam simulasi, seperti efek vaksinasi maupun pengobatan untuk melihat pengaruhnya terhadap penyebaran DBD. Selain itu, penelitian selanjutnya dapat berkolaborasi dengan pihak-pihak terkait agar hasil yang didapatkan lebih valid dan bermanfaat untuk pengendalian penyakit DBD.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Program Studi Statistika UNS atas dukungan fasilitas dan sumber daya yang diberikan selama proses penelitian ini. Dukungan tersebut memiliki peran penting dalam keberhasilan dan kelancaran pelaksanaan penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, L. J. S. (2008). An Introduction to Stochastic Epidemic Models. Lecture Notes in Mathematics, 1945. https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_3
- Hethcote, H. W. (2000). Mathematics of Infectious Diseases. SIAM Review, 42(4). <https://doi.org/10.1137/S0036144500371907>
- Kementerian Kesehatan RI. (2022). Profil Kesehatan Indonesia 2021. In Pusdatin.Kemendes.Go.Id.
- Kementerian Kesehatan RI. (2023). Profil Kesehatan Indonesia 2022. In Pusdatin.Kemendes.Go.Id.
- Kementerian Kesehatan RI. (2024). Profil Kesehatan Indonesia 2023. In Pusdatin.Kemendes.Go.Id.
- Merrill, R. M. (2024). Introduction to Epidemiology. Jones & Bartlett Learning.
- Sanusi, W., Badwi, N., Zaki, A., Sidjara, S., Sari, N., Pratama, M. I., & Side, S. (2021). Analysis and Simulation of SIRS Model for Dengue Fever Transmission in South Sulawesi, Indonesia. Journal of Applied Mathematics, 2021. <https://doi.org/10.1155/2021/2918080>
- Side, S., Zaki, A., & Sari, N. (2019). Analisis Model Matematika Penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan Fungsi Lyapunov. Journal of Mathematics, Computations, and Statistics, 1(2). <https://doi.org/10.35580/jmathcos.v1i2.9188>
- Sitio, A. (2008). Hubungan Perilaku Tentang Pemberantasan Sarang Nyamuk dan Kebiasaan Keluarga Dengan Kejadian Demam Berdarah Dengue di Kecamatan Medan Perjuangan Kota Medan Tahun 2008. Universitas Diponegoro Semarang.
- WHO. (2023). Dengue and Severe Dengue. World Health Organization. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>