

Analisis Perbandingan Bilangan Reproduksi Dasar pada Model Penyebaran Penyakit Dengue dengan Pengaruh Faktor Usia di Kota Bandung

Vania Junisha¹, Farah Kristiani^{2*}, Benny Yong³

^{1,2,3}Universitas Katolik Parahyangan, Jl. Ciumbuleuit 94 Bandung 40141

^{1,2,3}Departemen Matematika UNPAR Bandung Indonesia

e-mail: farah@unpar.ac.id

Abstrak

Penyakit Dengue merupakan salah satu masalah kesehatan yang utama di masyarakat Indonesia pada umumnya dan di kota Bandung pada khususnya. Pada penyebarannya, ternyata terdapat perbedaan tingkat risiko transmisi antara kelompok usia anak dan orang dewasa pada penyakit Dengue. Sebagai salah satu strategi pencegahan penyebaran penyakit ini, dapat dengan melalui pemodelan dari sistem dinamika penyebarannya. Penelitian ini akan menganalisa model penyebaran penyakit Dengue di kota Bandung dengan memperhitungkan faktor individu anak dengan kasus simptomatik dan asimtomatik. Bilangan Reproduksi Dasar (BRD) sebagai nilai ambang batas penyebaran penyakit ini akan dicari dan dianalisis dengan menggunakan metode Matriks Generasi dan Laju Pertumbuhan Intrinsik dan dengan menerapkan nilai parameter-parameter dan data banyaknya kasus dengue di kota Bandung pada tahun 2016-2018. Titik kesetimbangan dari kondisi bebas penyakit dan endemik juga akan ditentukan untuk memverifikasi keakuratan model yang dibuat. Dari hasil analisisnya, disimpulkan bahwa kedua metode menghasilkan bentuk BRD yang memiliki karakter yang berbeda dan diterapkan pada kondisi yang berbeda pula. Jika data real tersedia, maka lebih baik menerapkan metode Laju Pertumbuhan Intrinsik. Sebaliknya, jika data real tidak lengkap tersedia, maka disarankan menggunakan metode Matriks Generasi.

Kata Kunci: Dengue, bilangan reproduksi dasar, Bandung, Matriks Generasi, Laju Pertumbuhan Intrinsik

Abstract

Dengue is one of the major health problems in Indonesia specially in city of Bandung. In its spread, it turns out there are differences in the level of risk of dengue transmission between the age group of children and adults. As one of the strategies to prevent the spread of this disease, it can implement the modelling of a dynamic system of its spread. This study analyzed the model of the spread of dengue in Bandung by considering the individual factors of children with symptomatic and asymptomatic cases. Basic Reproduction Numbers (BRD) as the threshold value of the spread of this disease will be determined and analyzed using the Generation Matrix and Intrinsic Growth Rate methods and by applying the values of parameters and data on the number of dengue cases in Bandung in 2016-2018. Equilibrium points from disease-free and endemic conditions will also be determined to verify the accuracy of the model. From the results of the analysis, it was concluded that the two methods produced a BRD that had different characters. The use of BRD from certain methods can be adjusted to the availability of data and the assumption of parameter values in risky areas of dengue disease.

Keywords: Dengue, basic reproduction number, Bandung, Generation Matrix, Intrinsic Growth Rate

1 Pendahuluan

Penyakit Dengue merupakan masalah kesehatan masyarakat yang utama di daerah tropis dan sub-tropis. Hal ini disebabkan karena nyamuk *Aedes* sebagai vektor penyakit Dengue hanya berkembang biak pada daerah yang temperaturnya lebih dari 160°C dan pada ketinggian kurang dari 1.000 meter di atas permukaan air laut. Diperkirakan 50-100 juta kasus Dengue terjadi setiap tahun di lebih dari 100 negara endemik dan 75% berada di wilayah Asia-Pasifik ([1], [2]).

Berdasarkan data WHO [3], Indonesia merupakan salah satu negara di Asia Tenggara yang memiliki jumlah kasus Dengue tertinggi. 90% dari kasus Dengue diderita oleh anak dibawah umur 15 tahun dengan tingkat kematian penyakit Dengue rata-rata 5% dan sekitar 25.000 kematian setiap tahun [4]. Berdasarkan data dari Dinas Kesehatan kota Bandung, kasus Dengue yang diderita oleh anak dibawah umur 15 tahun selalu lebih banyak setiap tahunnya. Oleh karena itu, kelompok usia anak merupakan faktor penting yang harus dipertimbangkan dalam pemodelan penemuan penyakit. Faktor usia bukan hanya terkait dengan kekebalan tubuh seseorang terhadap penularan suatu penyakit tertentu, tetapi juga untuk pencegahan dan pengobatan dari suatu penyakit tertentu ([5], [6]).

Salah satu cara yang dapat dilakukan untuk mencegah dan mengontrol penyebaran penyakit Dengue adalah dengan membuat pemodelan matematika untuk memahami dinamika penyebarannya. Model penyebaran penyakit pertama kali diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927, yaitu model S-I-R(Susceptible, Infected, Recovered) [7]. Dari model tersebut akan diperoleh Bilangan Reproduksi Dasar (BRD). BRD merupakan nilai ambang batas untuk mengetahui apakah suatu penyakit akan menjadi wabah di suatu populasi. Dengan mengetahui BRD yang akurat dalam model penyebaran penyakit, dapat diperoleh strategi untuk mengontrol penyebaran penyakit dengan lebih baik. Heffernan, Smith, dan Wahl [8] telah membahas berbagai macam metode untuk menentukan BRD. Beberapa metodenya antara lain metode Jacobi, metode matriks generasi, metode laju pertumbuhan intrinsik, dan sebagainya.

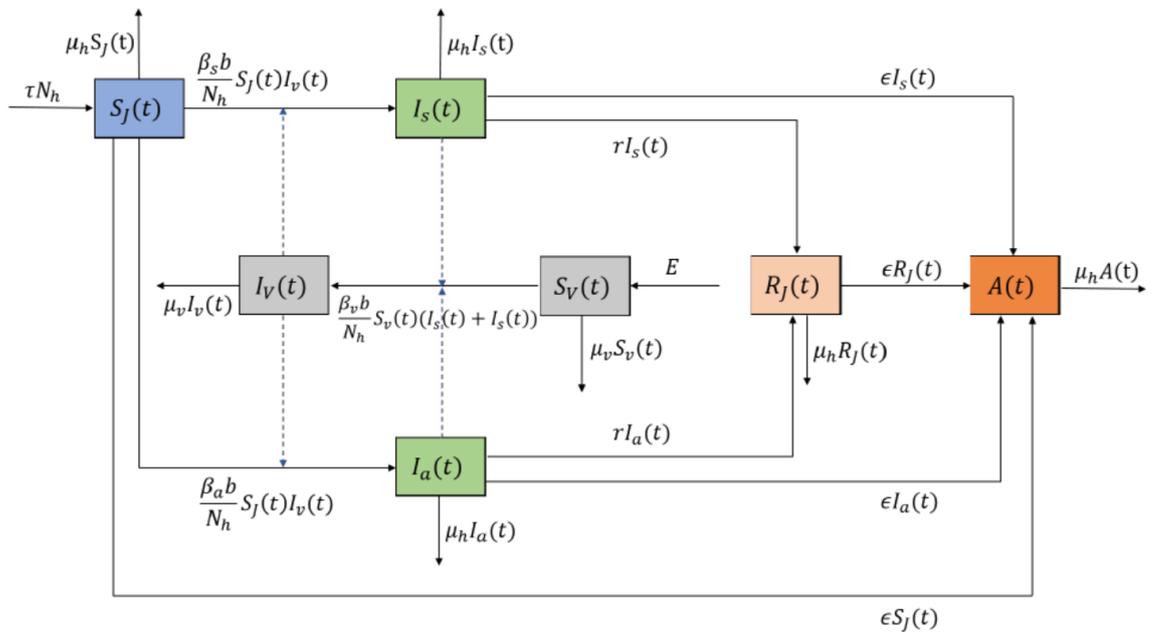
Artikel ini akan membahas model matematika untuk menentukan BRD pada kasus penyebaran penyakit Dengue. Artikel ini hanya akan memperhatikan individu anak dengan kasus simptomatik dan asimtomatik. Dari model tersebut akan dicari titik kesetimbangannya. Pada Pongsumpun [9], telah dibahas metode penentuan BRD dengan menggunakan metode Jacobi. Artikel ini akan menelaah metode lain dalam BRD yaitu dengan menggunakan metode Matriks Generasi dan Laju Pertumbuhan Intrinsik. Lalu akan dibandingkan hasil yang diperoleh dari ketiga model yang berbeda tersebut. Setelah itu akan dianalisis simulasi numerik dan strategi untuk mengontrol penyebaran penyakit Dengue di Bandung.

2 Metode Penelitian

2.1. Model Kompartemen Penyebaran Penyakit Dengue

Pemodelan penyebaran penyakit Dengue yang akan dibahas pada artikel ini mengacu pada dinamika penyebaran penyakit Dengue pada individu anak dengan kasus simptomatik dan asimtomatik [9]. Model tersebut dapat digambarkan dalam model kompartemen pada Gambar 1.

Notasi yang digunakan pada model kompartemen pada Gambar 1 adalah S_j yaitu populasi anak yang rentan terhadap penyakit Dengue, I_j yaitu populasi anak yang terinfeksi dengan gejala (simptomatik), I_a yaitu populasi anak yang terinfeksi tanpa gejala (asimtomatik), R_j yaitu populasi anak yang pulih dari penyakit Dengue, A yaitu populasi individu dewasa, S_v yaitu populasi vektor yang rentan terhadap penyakit Dengue, I_v yaitu populasi vektor yang terinfeksi penyakit Dengue, N_h yaitu total populasi manusia, N_v yaitu total populasi vektor, τ yaitu laju kelahiran manusia, μ_h yaitu laju kematian manusia, β_s yaitu laju transmisi penyakit dari nyamuk ke manusia dan menjadi individu yang terinfeksi simptomatik, β_a yaitu laju transmisi penyakit dari nyamuk ke manusia dan menjadi individu yang terinfeksi asimtomatik, b yaitu laju populasi vektor menggigit manusia, ϵ yaitu laju individu anak menjadi individu dewasa, r yaitu laju pemulihan populasi manusia, E yaitu banyaknya populasi nyamuk yang masuk ke dalam vektor kompartemen rentan, β_v yaitu laju transmisi penyakit dari manusia ke nyamuk, μ_v yaitu laju kematian populasi vektor.



Gambar 1. Model kompartemen untuk penyebaran penyakit Dengue

Dari model kompartemen tersebut, dapat dituliskan sistem persamaan diferensial sebagai berikut,

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_j(t)}{dt} &= \tau N_h - \frac{(\beta_s + \beta_a)b}{N_h} S_j(t) I_v(t) - (\mu_h + \epsilon) S_j(t) \\
 \frac{dI_s(t)}{dt} &= \frac{\beta_s b}{N_h} S_j(t) I_v(t) - (\mu_h + \epsilon + r) I_s(t) \\
 \frac{dI_a(t)}{dt} &= \frac{\beta_a b}{N_h} S_j(t) I_v(t) - (\mu_h + \epsilon + r) I_a(t) \\
 \frac{dR_j(t)}{dt} &= r(I_s(t) + I_a(t)) - (\mu_h + \epsilon) R_j(t) \\
 \frac{dA(t)}{dt} &= \epsilon (S_j(t) + I_s(t) + I_a(t) + R_j(t)) - \mu_h A(t) \\
 \frac{dS_v(t)}{dt} &= E - \frac{\beta_v b}{N_h} S_v(t) (I_s(t) + I_a(t)) - \mu_v(t) S_v(t) \\
 \frac{dI_v(t)}{dt} &= \frac{\beta_v b}{N_h} S_v(t) (I_s(t) + I_a(t)) - \mu_v I_v(t)
 \end{aligned} \tag{1}$$

Diperoleh total populasi manusia dan vektor adalah $N_h = S_j(t) + I_s(t) + I_a(t) + R_j(t) + A(t)$ dan $N_v = S_v(t) + I_v(t)$. Karena kedua total populasi tersebut diasumsikan konstan, maka diperoleh $\frac{d}{dt} N_h = 0$ dan $\frac{d}{dt} N_v = 0$, sehingga didapatkan $\tau = \mu_h$ dan $N_v = \frac{E}{\mu_v}$. Untuk menyederhanakan perhitungan, sistem persamaan diferensial (1) disederhanakan menjadi $s_j(t) = \frac{S_j(t)}{N_h}$, $i_s(t) = \frac{I_s(t)}{N_h}$, $i_a(t) = \frac{I_a(t)}{N_h}$, $r_j(t) = \frac{R_j(t)}{N_h}$, $s_v(t) = \frac{S_v(t)}{N_h}$, $i_v(t) = \frac{I_v(t)}{N_h}$, sehingga menjadi sistem persamaan diferensial (2), sebagai berikut,

$$\begin{aligned}
 \frac{d}{dt} s_j(t) &= \mu_h - (\delta_s + \delta_a) s_j(t) i_v(t) - (\mu_h + \epsilon) s_j(t) \\
 \frac{d}{dt} i_s(t) &= \delta_s s_j(t) i_v(t) - (\mu_h + \epsilon + r) i_s(t) \\
 \frac{d}{dt} i_a(t) &= \delta_a s_j(t) i_v(t) - (\mu_h + \epsilon + r) i_a(t) \\
 \frac{d}{dt} r_j(t) &= r(i_s(t) + i_a(t)) - (\mu_h + \epsilon) r_j(t) \\
 \frac{d}{dt} i_v(t) &= \delta_v (1 - i_v(t)) (i_s(t) + i_a(t)) - \mu_v i_v(t)
 \end{aligned} \tag{2}$$

dengan $\delta_s = \frac{b\beta_s(\frac{E}{\mu_v})}{N_h}$, $\delta_a = \frac{b\beta_a(\frac{E}{\mu_v})}{N_h}$, dan $\delta_v = b\beta_v$. Selanjutnya, diperoleh titik kesetimbangan dari persamaan (2) untuk kondisi bebas penyakit E_0 dan endemik E_1 , dengan $E_0 = (\frac{\mu_h}{\mu_h + \epsilon}, 0, 0, 0, 0)$ dan $E_1 = (\bar{s}_j, \bar{l}_s, \bar{l}_a, \bar{r}_j, \bar{l}_v)$, dengan $\bar{s}_j = \frac{(\delta_s + \delta_a) + \mu_h A_0}{A_0(\delta_s + \delta_a) + \mu_h N}$, $\bar{l}_s = \frac{A_s \mu_v \mu_h (A_0 - N)}{A_0 \delta_v (\delta_s + \delta_a) + \mu_h N}$, $\bar{l}_a = \frac{A_a \mu_v \mu_h (A_0 - N)}{A_0 \delta_v (\delta_s + \delta_a) + \mu_h N}$, $\bar{r}_j = \frac{\mu_v (A_0 - N)}{\delta_v N (\delta_s + \delta_a) + \mu_h N}$, $\bar{l}_v = \frac{\mu_h (A_0 - N)}{(\delta_s + \delta_a) + \mu_h A_0}$ dan $A_0 = \frac{(\delta_s + \delta_a) \delta_v}{\mu_v (\mu_h + r)}$, $A_s = \frac{\delta_s \delta_v}{\mu_v (\mu_h + r)}$, $A_a = \frac{\delta_a \delta_v}{\mu_v (\mu_h + r)}$, $N = \frac{\mu_h + \epsilon}{\mu_h}$.

2.2. Metode Penentuan BRD

BRD atau \mathcal{R}_0 adalah nilai rata-rata kemunculan penularan baru yang disebabkan oleh seorang individu terinfeksi dalam suatu populasi yang semuanya rentan untuk tertular. \mathcal{R}_0 dapat berfungsi sebagai parameter ambang batas terjadinya penyebaran suatu penyakit dan berguna sebagai indikator dalam mengidentifikasi apakah suatu penyakit akan menjadi endemik atau tidak di dalam suatu populasi. Jika $\mathcal{R}_0 < 1$ maka tidak akan terjadi endemik, namun jika $\mathcal{R}_0 > 1$, maka penyakit tersebut akan menjadi endemik. Lebih lanjutnya, jika $\mathcal{R}_0 = 1$ berarti setiap orang akan menularkan penyakitnya ke satu orang lainnya, sehingga penyakit tersebut akan tetap ada dalam suatu populasi, tetapi jumlah penderitanya cenderung stabil dan tidak bertambah ([10], [11]).

Dengan menggunakan metode Jacobi, Pongsumpun [9] telah menentukan bentuk BRD dari model ini adalah $\mathcal{R}_0 = \sqrt{\frac{(\delta_s + \delta_a) \delta_v}{\mu_v (\mu_h + \epsilon + r)} \left(\frac{\mu_h}{\mu_h + \epsilon} \right)}$. Namun demikian, pada [8], dijelaskan bahwa \mathcal{R}_0 yang diperoleh dengan menggunakan metode Jacobi belum tentu akurat. \mathcal{R}_0 akurat jika hasil yang diperoleh dengan metode Jacobi sama dengan hasil yang diperoleh dengan metode matriks generasi. Oleh karena itu, pada bagian berikutnya akan dicari bentuk \mathcal{R}_0 dengan menggunakan metode matriks generasi. Selain itu akan dibahas juga metode penentuan \mathcal{R}_0 lainnya yaitu dengan metode Laju Pertumbuhan Intrinsik untuk memberikan pendekatan alternatif. Metode terakhir ini mempertimbangkan juga laju pertumbuhan infeksi, baik untuk populasi manusia maupun untuk populasi vektor.

2.3. Matriks Generasi

Metode yang digunakan di sini berdasarkan metode yang dijelaskan dalam [7]. Perhatikan kompartemen terinfeksi pada sistem persamaan diferensial (2), yaitu $\frac{d}{dt} i_s(t)$, $\frac{d}{dt} i_a(t)$, dan $\frac{d}{dt} i_v(t)$. Misalkan $j(x)$ menyatakan laju kemunculan infeksi baru dan $v(x)$ menyatakan laju perpindahan individu, maka dapat diperoleh,

$$j(x) = \begin{pmatrix} \delta_s s_j(t) i_v(t) \\ \delta_a s_j(t) i_v(t) \\ \delta_v (1 - i_v(t)) (i_s(t) + i_a(t)) \end{pmatrix}, \quad \text{dan} \quad v(x) = \begin{pmatrix} (\mu_h + \epsilon + r) i_s(t) \\ (\mu_h + \epsilon + r) i_a(t) \\ \mu_v i_v(t) \end{pmatrix}. \quad \text{Kemudian}$$

dimisalkan $F = \frac{d}{dx} j(x)$ dan $V = \frac{d}{dx} v(x)$, masing-masing menyatakan turunan pertama dari i_s, i_a , dan i_v , sehingga diperoleh matriks

$$F = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \delta_s s_j(t) \\ 0 & 0 & \delta_a s_j(t) \\ \delta_v (1 - i_v(t)) & \delta_v (1 - i_v(t)) & -\delta_v (i_s(t) + i_a(t)) \end{pmatrix} \text{ dan}$$

$$V = \begin{pmatrix} \mu_h + \epsilon + r & 0 & 0 \\ 0 & \mu_h + \epsilon + r & 0 \\ 0 & 0 & \mu_v \end{pmatrix}.$$

Langkah berikutnya adalah dengan mensubstitusi titik kesetimbangan E_0 pada F dan V sehingga didapatkan matriks generasi dengan mengalikan matriks F dan V^{-1} dengan hasil sebagai berikut

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \frac{\delta_s \mu_h}{\mu_v (\mu_h + \epsilon)} \\ 0 & 0 & \frac{\delta_a \mu_h}{\mu_v (\mu_h + \epsilon)} \\ \frac{\delta_v}{\mu_h + \epsilon + r} & \frac{\delta_v}{\mu_h + \epsilon + r} & 0 \end{pmatrix}. \quad (3)$$

Dengan bantuan perangkat lunak Maple, diperoleh nilai eigen dari persamaan (3) yaitu $\lambda_1 = 0$, $\lambda_2 = \sqrt{\frac{\delta_v \mu_h (\delta_a + \delta_s)}{\mu_v (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r \epsilon + \epsilon^2)}}$, $\lambda_3 = -\sqrt{\frac{\delta_v \mu_h (\delta_a + \delta_s)}{\mu_v (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r \epsilon + \epsilon^2)}}$. Menurut [7], nilai eigen positif yang terbesar adalah BRD dari model penyebaran penyakit ini, sehingga BRD dari model ini adalah

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\frac{\delta_v \mu_h (\delta_a + \delta_s)}{\mu_v (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r \epsilon + \epsilon^2)}}. \quad (4)$$

Nilai \mathcal{R}_0 ini sudah akurat karena sudah sama dengan bentuk \mathcal{R}_0 yang diperoleh dari metode Jacobi yang ditentukan oleh Pongsumpun [9].

2.4. Laju Pertumbuhan Intrinsik

Metode berikutnya adalah metode Laju Pertumbuhan Intrinsik yang mempertimbangkan laju pertumbuhan infeksi pada populasi manusia dan vector [12]. Dalam kasus epidemik, diasumsikan jumlah kasus akumulatif yang terinfeksi dapat bervariasi. Dalam pemodelan penyebaran kasus Dengue pada artikel ini, diasumsikan $i_s(t) \propto \exp(r_0 t)$, $i_a(t) \propto \exp(r_0 t)$, dan $i_v(t) \propto \exp(r_0 t)$ sehingga diperoleh,

$$i_s(t) = S_0 \exp(r_0 t), i_a(t) = A_0 \exp(r_0 t), \text{ dan } i_v(t) = V_0 \exp(r_0 t), \quad (5)$$

dimana r_0 merupakan laju pertumbuhan infeksi, S_0 dan A_0 merupakan proporsi awal dari manusia rentan, dan V_0 merupakan proporsi awal dari nyamuk rentan dan masing-masing adalah konstanta positif. Pada metode ini, populasi selain manusia dan nyamuk rentan dapat diabaikan, sehingga diperoleh $S_j(t) = N_h$ dan $S_v(t) = N_v$. Selanjutnya dicari $\frac{d}{dt}i_s(t)$, $\frac{d}{dt}i_a(t)$, dan $\frac{d}{dt}i_v(t)$ dan disubstitusikan ke persamaan (2), dan setelah disederhanakan persamaannya akan diperoleh,

$$S_0 = \delta_s V_0 - (\mu_h + \epsilon + r) S_0 \quad (6)$$

$$A_0 = \delta_a V_0 - (\mu_h + \epsilon + r) A_0 \quad (7)$$

$$V_0 = \delta_v (S_0 + A_0) - \mu_v V_0 \quad (8)$$

Kemudian substitusikan persamaan (6) dan (7) ke persamaan (8) sehingga didapatkan bentuk,

$$\delta_v (\delta_s + \delta_a) = (r_0 + \mu_v) (r_0 + \mu_h + \epsilon + r) \quad (9)$$

Dengan melakukan manipulasi aljabar di kedua ruas pada persamaan (9), dapat diperoleh bentuk sebagai berikut,

$$\sqrt{\frac{\delta_v (\delta_s + \delta_a)}{\mu_v (\mu_h + \epsilon + r)} \frac{\mu_h}{\mu_h + \epsilon}} = \sqrt{\left(1 + \frac{r_0}{\mu_v}\right) \left(1 + \frac{r_0}{\mu_h + \epsilon + r}\right) \left(\frac{\mu_h}{\mu_h + \epsilon}\right)}. \quad (10)$$

Ruas kiri dari persamaan (10) memiliki bentuk yang sama dengan \mathcal{R}_0 pada persamaan (4), sehingga ruas kanan dari persamaan (10) dapat dinyatakan sebagai \mathcal{R}_0 juga. Jadi, BRD untuk metode Laju Pertumbuhan Intrinsik memiliki bentuk sebagai berikut,

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\left(1 + \frac{r_0}{\mu_h}\right) \left(1 + \frac{r_0}{\mu_h + \epsilon + r}\right) \left(\frac{\mu_h}{\mu_h + \epsilon}\right)}. \quad (11)$$

3 Hasil dan Pembahasan

Data yang digunakan dalam pemodelan di sini adalah data banyaknya penderita penyakit Dengue yang diambil dari Dinas Kesehatan Kota Bandung, dari tahun 2016-2018. Nilai parameter yang digunakan diasumsikan dapat mendekati kondisi real dan diambil dari artikel ilmiah sebelumnya.

Pada bab ini ditunjukkan simulasi numerik pemodelan penyebaran penyakit Dengue di kota Bandung. Simulasi akan dibagi menjadi dua bagian, yaitu untuk metode Matriks Generasi dan Laju Pertumbuhan Intrinsik.

3.1 Simulasi Numerik untuk Metode Matriks Generasi

Simulasi numerik dibagi menjadi dua bagian untuk menunjukkan kondisi bebas penyakit dan kondisi endemik. Nilai-nilai parameter dipilih dari artikel ilmiah dari riset-riset sebelumnya yang diasumsikan sesuai dengan kondisi iklim di Bandung.

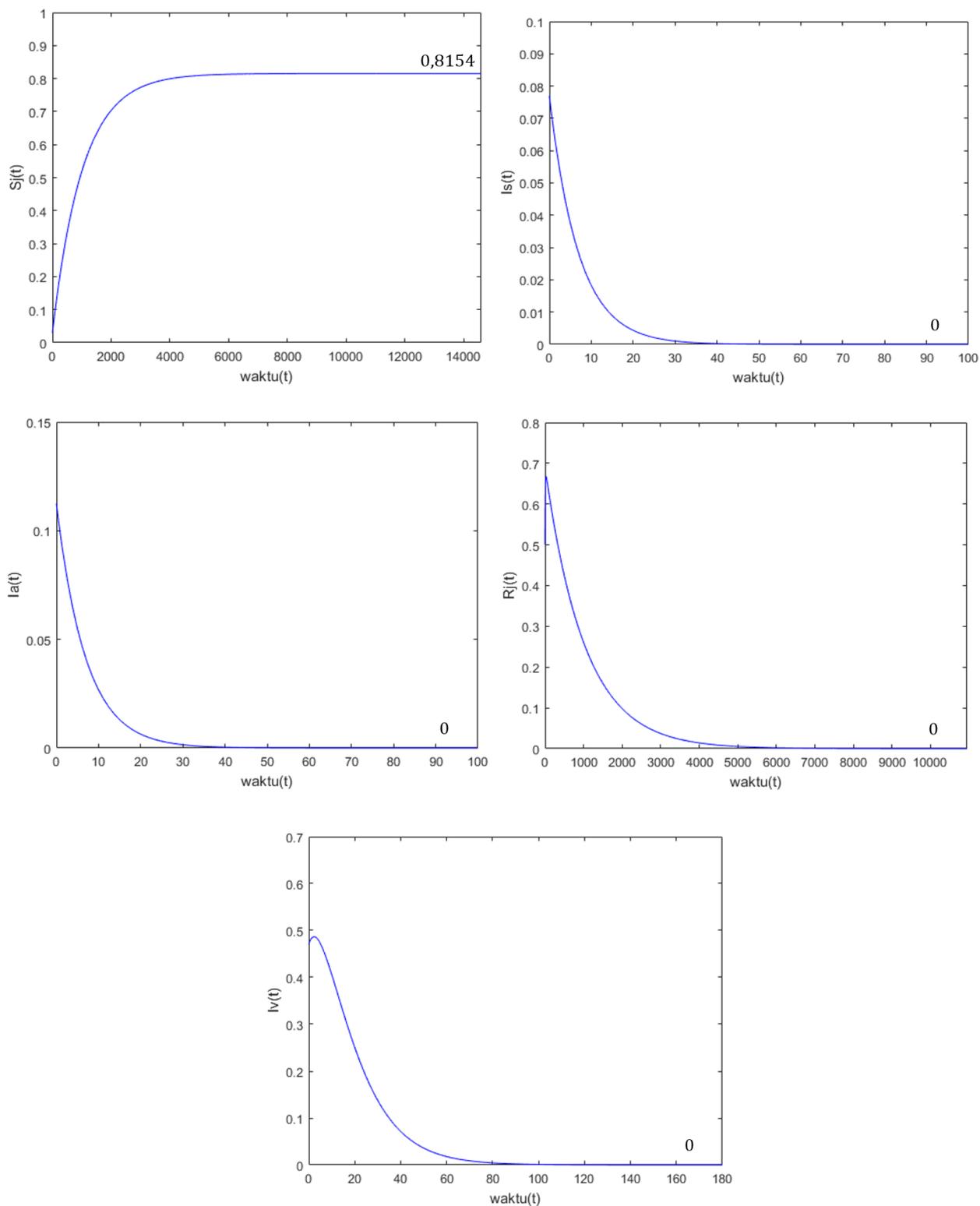
Dari BRD pada persamaan (4), dapat ditentukan nilai E yang membuat kondisi bebas penyakit ($\mathcal{R}_0 < 1$) atau endemic ($\mathcal{R}_0 > 1$) dengan menggunakan cara sebagai berikut,

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_0 &< 1 \\ \sqrt{\frac{\delta_v \mu_h (\delta_a + \delta_s)}{\mu_v (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r\epsilon + \epsilon^2)}} &< 1 \\ \delta_a + \delta_s &< \frac{\mu_v (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r\epsilon + \epsilon^2)}{\delta_v \mu_h} \\ \frac{b\beta_a \left(\frac{E}{\mu_v}\right)}{N_h} + \frac{b\beta_s \left(\frac{E}{\mu_v}\right)}{N_h} &< \frac{\mu_v (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r\epsilon + \epsilon^2)}{\delta_v \mu_h} \\ E &< \frac{\mu_v^2 N_h (\mu_h^2 + \mu_h r + 2\mu_h \epsilon + r\epsilon + \epsilon^2)}{\delta_v \mu_h b (\beta_a + \beta_s)}. \end{aligned} \quad (12)$$

Untuk mendukung simulasi tersebut, diperlukan nilai-nilai parameternya yaitu $\mu_h = 0,0007945$, $N_h = 2.497.938$ [13], $\beta_s = 0,2$, $\beta_a = 0,8$, $b = 0,5$, $r = 1/7$, $\beta_v = 1$, $\mu_v = 1/14$ dan $\epsilon = 0,00018$ [5]. Selanjutnya, simulasi numerik pada kondisi bebas penyakit menggunakan nilai $E = 5.000$ yang diasumsikan dapat menyebabkan $\mathcal{R}_0 < 1$ berdasarkan ketaksamaan (12). Dengan cara yang sama, untuk mendukung simulasi numerik dengan kondisi endemik, digunakan nilai $E = 100.000$.

Berdasarkan nilai-nilai tersebut, diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 = 0,74567$ untuk kondisi bebas penyakit dengan grafik proporsi variabelnya ditunjukkan dalam grafik pada Gambar 2. Dari grafik

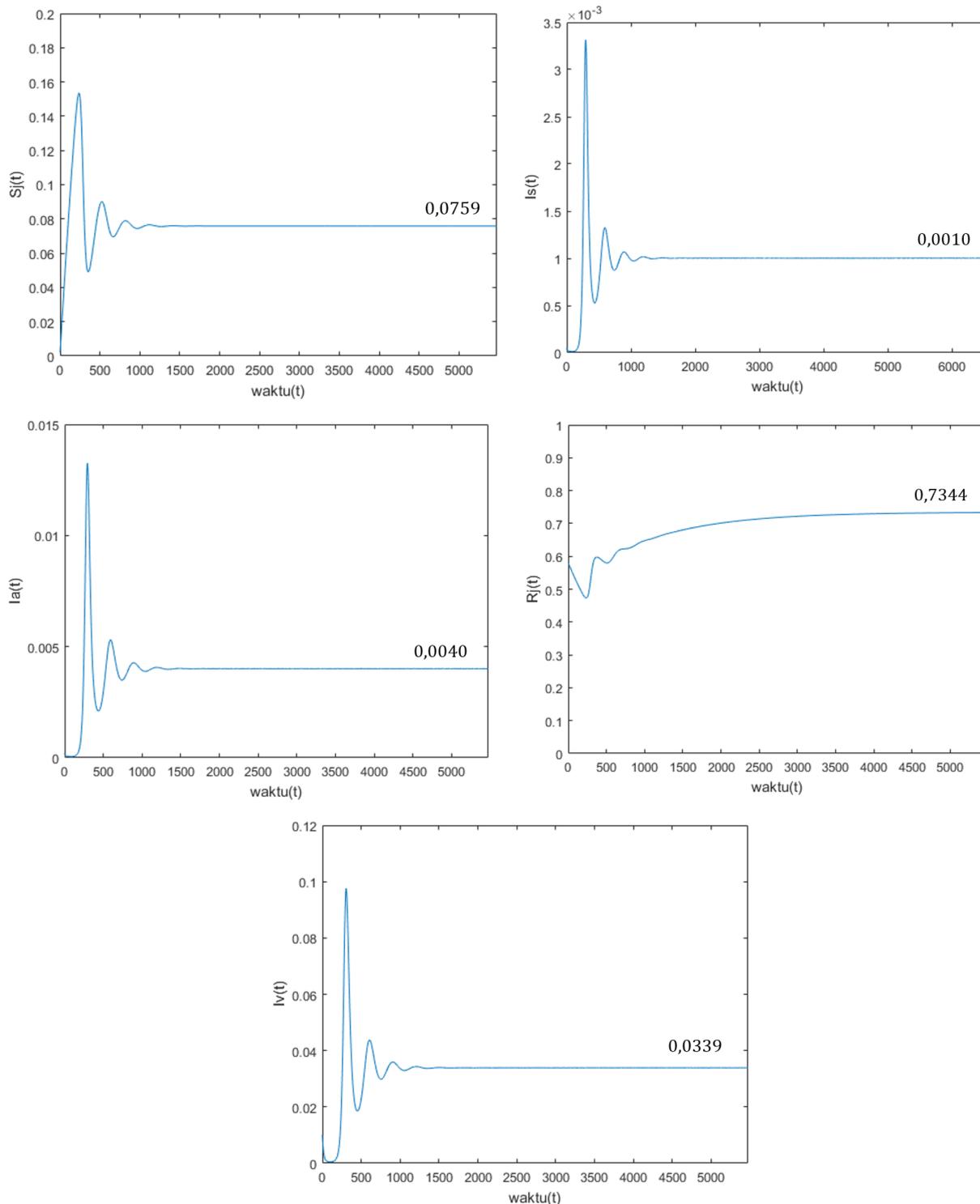
tersebut dapat dilihat bahwa pada saat $t \rightarrow \infty$, masing-masing variabel akan stabil pada kondisi titik kesetimbangan $E_0 = (0,8154, 0, 0, 0, 0)$.



Gambar 2. Grafik penyebaran penyakit Dengue pada kondisi bebas penyakit

Dengan cara yang sama, diperoleh nilai $\mathcal{R}_0 = 3,33473$ untuk kondisi endemik dengan grafik proporsi variabelnya ditunjukkan dalam grafik pada Gambar 3. Pada grafik tersebut, masing-masing variabel akan stabil pada kondisi titik kesetimbangan

$$E_1 = (0,0759; 0,0010; 0,0040; 0,7344; 0,0339).$$



Gambar 3. Grafik penyebaran penyakit Dengue pada kondisi endemik

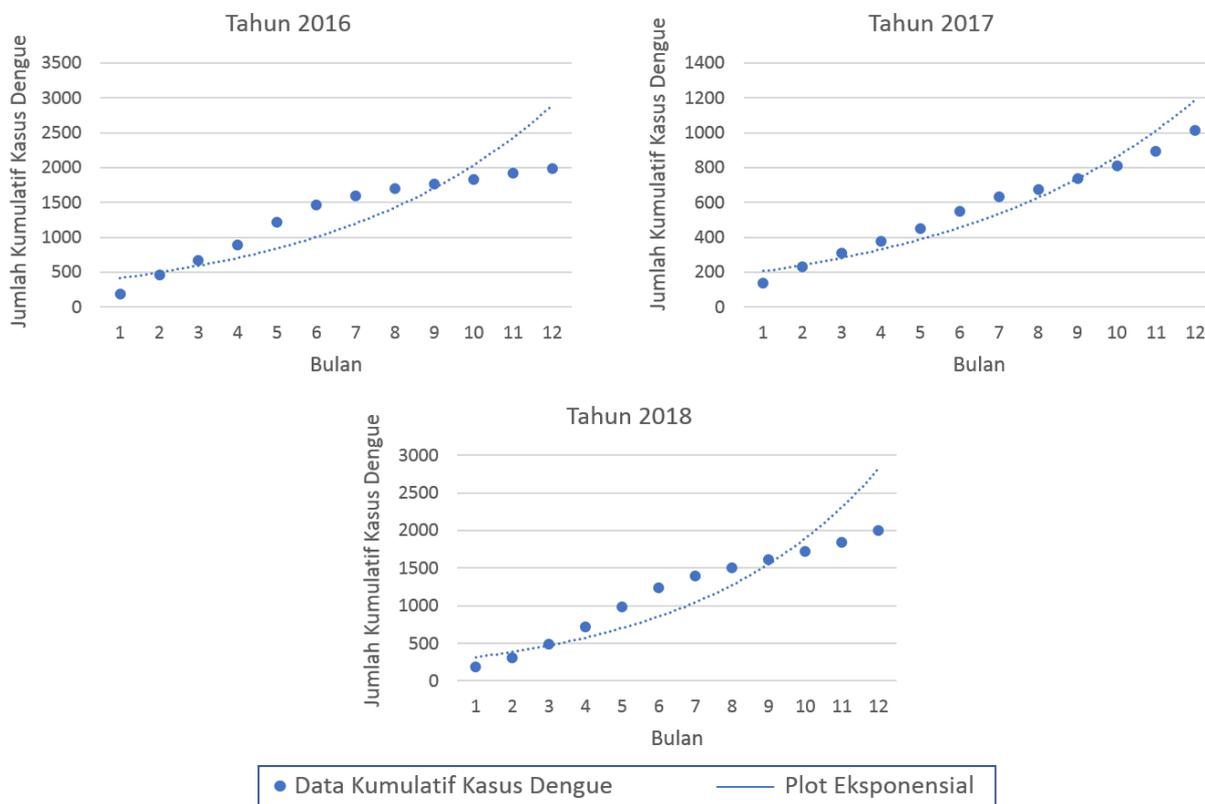
3.2 Simulasi Numerik untuk Laju Pertumbuhan Intrinsik

Simulasi numerik untuk metode ini memerlukan nilai parameter yang lebih sedikit, yaitu $\mu_h, \epsilon, r,$ dan μ_v dengan besaran parameter mengikuti penjelasan pada Subbab 3.1. Berikutnya diperlukan juga data kumulatif dari banyaknya penderita penyakit Dengue di Kota Bandung yang diperoleh dari Dinas Kesehatan Kota Bandung untuk mendapatkan nilai parameter r_0 . Gambar 4 menunjukkan jumlah kumulatif kasus Dengue di kota Bandung pada tahun 2016, 2017 dan 2018.

Dari Gambar 4, diperoleh nilai r_0 dengan mencari nilai gradien dari grafik eksponensial tersebut [12], [14]. Jika semua nilai parameter dimasukkan, akan diperoleh hasil \mathcal{R}_0 dari persamaan (10) sebagai berikut,

Tabel 1. Nilai r_0 dan \mathcal{R}_0

Tahun	r_0	\mathcal{R}_0
2016	0,165	2,407
2017	0,149	2,263
2018	0,186	2,596



Gambar 4. Jumlah kumulatif kasus Dengue Kota Bandung tahun 2016-2018

Hasil di Tabel 1 akan dianalisa dan dibandingkan dengan data real yang diperoleh dari Dinas Kesehatan kota Bandung. Banyak kasus Dengue pada tahun 2016 adalah 3.618 dan tahun 2017 sebanyak 1.786. Jika dihitung rasio perbandingan kasus tahun 2017 terhadap kasus tahun 2016, diperoleh hasil 0,494, artinya kasus tahun 2017 adalah sekitar 0,494 kali kasus yang terjadi di tahun 2016. Dari kondisi ini, diperoleh persentase error kesalahan hasil \mathcal{R}_0 tahun 2016 adalah 79,5% jika dibandingkan dengan rasio kasus di tahun 2016 ke tahun 2017. Dengan cara yang sama, jika diketahui banyak kasus Dengue pada tahun 2018 adalah sebanyak 3.394, maka persentase error kesalahan hasil \mathcal{R}_0 di tahun 2017 dapat dihitung juga dan diperoleh hasilnya adalah 16%. Persentase error kesalahan hasil \mathcal{R}_0 di tahun 2018 tidak dapat dihitung karena banyak kasus Dengue tahun 2019 belum diketahui. Persentase error ini kemungkinan dipengaruhi oleh pemilihan nilai parameter-parameter yang digunakan dalam perhitungan \mathcal{R}_0 . Riset mengenai parameter-parameter yang mempengaruhi nilai \mathcal{R}_0 ini dapat dilanjutkan dalam penelitian berikutnya yang lebih difokuskan pada analisis sensitivitas parameter yang mempengaruhi besaran nilai \mathcal{R}_0 .

3.3 Analisa Hasil Masing-Masing Metode

Dari hasil yang diperoleh pada Subbab 3.1 dan 3.2, dapat dilihat perbedaan dari kedua metode yang digunakan untuk menentukan bentuk \mathcal{R}_0 . Pada metode Jacobi dan matriks generasi, bentuk BRD dipengaruhi oleh beberapa parameter yang mengakomodasi kondisi real, seperti laju transmisi penyakit dari nyamuk ke manusia dan sebaliknya, banyaknya populasi nyamuk yang masuk ke dalam kompartemen nyamuk rentan, dan lain sebagainya. Kelebihan dari adanya pengaruh parameter-parameter ini adalah dapat melakukan tindakan pencegahan penyebaran penyakit Dengue yang disesuaikan dengan simulasi numerik pada nilai-nilai parameter yang mempengaruhinya, sehingga dapat menekan nilai BRD menjadi kurang dari 1.

Lebih lanjutnya, model laju pertumbuhan intrinsik secara natural lebih realistis untuk diterapkan, karena metode ini bergantung pada data real per tahun pada masing-masing daerah yang berisiko terjangkit penyakit Dengue. Dari nilai BRD yang dihasilkan dari model ini, dapat diketahui wilayah mana saja yang membutuhkan tindakan pencegahan yang lebih serius sehingga diharapkan strategi penanganannya dapat lebih efisien dari segi waktu dan biaya.

4 Simpulan

Untuk mencegah penyebaran penyakit Dengue di daerah yang berisiko terjangkit, memerlukan pengambilan langkah-langkah strategis agar dapat efisien dari segi waktu dan biaya. Salah satu caranya adalah dengan menganalisis dinamika penyebaran penyakit ini dan memperhatikan faktor-faktor yang mempengaruhi penyebarannya. Untuk itu perlu penerapan

metode yang tepat untuk menganalisa model penyebaran yang dipilih. Dalam hal ini, metode matriks generasi dan laju pertumbuhan intrinsik dapat diterapkan karena kedua metode ini dipengaruhi oleh parameter dan data yang bisa mewakili kondisi real.

BRD penyebaran penyakit Dengue ini penting untuk ditentukan supaya para pengambil kebijakan dapat menganalisa lebih dalam mengenai faktor-faktor yang dapat dikontrol sehingga dapat menghentikan penyebaran penyakit ini. Nilai BRD yang diperoleh dapat berbeda jika dihitung dari kedua metode yang berbeda ini. Kedua BRD yang disajikan dalam artikel ini dapat diterapkan pada kondisi yang mendukung pemilihan metodenya. Jika data real tersedia, maka metode Laju Pertumbuhan Intrinsik dapat dijadikan pilihan. Namun jika data real tidak tersedia, maka metode Matriks Generasi dapat dijadikan pilihan pemodelannya.

Saran untuk pengembangan riset ini adalah dengan menggunakan nilai parameter yang disesuaikan dengan tahun penerapan kasusnya. Lebih lanjut, dapat juga dilakukan analisis sensitivitas nilai parameter yang mempengaruhi pemodelan ini.

5 Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada para reviewer yang sudah memberikan masukan yang berharga untuk perbaikan materi dalam artikel ini. Tidak lupa penulis juga berterima kasih kepada Dinas Kesehatan Kota Bandung untuk data yang disediakan untuk mendukung riset ini. Terakhir, dukungan dari Universitas Katolik Parahyangan agar penulis terus berkarya dalam penelitian sangat penulis hargai.

6 Daftar Pustaka

- [1] WHO, "Global Strategy for Dengue Prevention and Control 2012–2020," *World Health Organization*, 2012.
- [2] S. Keman, "Perubahan Iklim Global, Kesehatan Manusia dan Pembangunan Berkelanjutan," *J. Kesehat. Lingkungan*, 2007.
- [3] M. B. Nathan, R. Dayal-Drager, and M. Guzman, "Epidemiology, burden of disease and transmission," in *Dengue: guidelines for diagnosis, treatment, prevention, and control*, 2009.
- [4] R. World Health Organization, "Dengue Bulletin," vol. 25, no. December, 2008.
- [5] F. Kristiani, N. Samat, and S. Ghani, *BAYESIAN DENGUE DISEASE MAPPING FOR JUVENILE AND ADULT IN BANDUNG, INDONESIA*. 2015.
- [6] F. Kristiani, N. A. Samat, and S. Bin Ab Ghani, "The SIR-SI model with age-structured

- human population for dengue disease mapping in Bandung, Indonesia,” *Model Assist. Stat. Appl.*, 2017.
- [7] Z. Ma and J. Li, *Dynamical modeling and analysis of epidemics*. 2009.
- [8] J. M. Heffernan, R. J. Smith, and L. M. Wahl, “Perspectives on the basic reproductive ratio,” *Journal of the Royal Society Interface*. 2005.
- [9] P. Pongsumpun, “Age structured model for symptomatic and asymptomatic infections of dengue disease,” *Int. J. Model. Simul.*, 2009.
- [10] G. Cruz-Pacheco, L. Esteva, J. A. Montaña-Hirose, and C. Vargas, “Modelling the dynamics of West Nile Virus,” *Bull. Math. Biol.*, 2005.
- [11] H. Nishiura, “Mathematical and statistical analyses of the spread of dengue,” *Dengue Bull.*, 2006.
- [12] N. Badshah, H. Shah, and M. Javid, “Estimation of basic reproduction number for dengue fever in Lahore, Pakistan,” *Sains Malaysiana*, 2015.
- [13] BPS Provinsi Jawa Barat, “Proyeksi Penduduk dan Laju Pertumbuhan Penduduk di Kota Bandung, 2012 - 2017.” .
- [14] Study Force, *How to Plot and Calculate Slope of Exponential Functions*. p. <https://www.youtube.com/watch?v=ckYthkRmKpc&featur>.