

BILANGAN REPRODUKSI DASAR MODEL PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE DENGAN ADANYA PENYEBARAN BAKTERI WOLBACHIA

Abu Hanifah Al Faruqy

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : abu.20022@mhs.unesa.ac.id

Budi Priyo Prawoto

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya

e-mail : budiprawoto@unesa.ac.id*

Abstrak

Penyakit demam berdarah dengue (DBD) adalah salah satu penyakit virus menular dengan perantara vektor yang sering terjadi khususnya, di daerah tropis di seluruh dunia. Sudah banyak upaya dilakukan agar penyakit DBD tidak menyebar diantaranya yang paling umum di Indonesia yaitu penyebaran gas Fogging dan vaksinasi. Cara yang baru yaitu penyebaran nyamuk pembawa bakteri *Wolbachia*. *Wolbachia* adalah bakterial yang tersebar luas secara alami dan ditemukan pada jaringan reproduksi beberapa serangga dan antropoda. Artikel ini bertujuan untuk mengkonstruksi model penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan adanya penyebaran bakteri *Wolbachia* dan mencari bilangan reproduksi dasar. Model yang dikonstruksi terdiri atas enam kompartemen yaitu, manusia rentan (S_h), manusia terinfeksi (I_h), manusia sembuh (R_h), vektor rentan (S_v), vektor terinfeksi (I_v), dan vektor dengan *Wolbachia* (W_v). Tahapan penelitian yang dilakukan yaitu, studi literatur, Menyusun asumsi, mengkonstruksi model, dan mencari bilangan reproduksi dasar. Berdasarkan penelitian yang dilakukan didawapatkan model SIR SIW dengan bilabgab reproduksi dasar menggunakan Next Generation Matrix yaitu $R_0 =$

$$R_0 = \sqrt{\frac{(-\mu_v + \delta_v)(-\mu_h + \gamma_h)\beta_v A_v \beta_h A_h}{\mu_h(\delta_v + \mu_v)}} \cdot \frac{(\mu_h - \gamma_h)(\mu_v - \delta_v)}{(\mu_h - \gamma_h)(\mu_v - \delta_v)}.$$

Kata Kunci: Demam Berdarah Dengue, *Wolbachia*, Bilangan Reproduksi Dasar.

Abstract

Abstract Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) is one of the contagious viral diseases transmitted by vector intermediaries that often occur, especially in tropical areas worldwide. Various efforts have been made to prevent the spread of DHF, including the most common methods in Indonesia: fogging and vaccination. A novel approach involves the dissemination of mosquitoes carrying the *Wolbachia* bacterium. *Wolbachia* is a bacterium widely distributed in nature and found in the reproductive tissues of several insects and arthropods. This article aims to construct a model for the spread of dengue hemorrhagic fever with the introduction of *Wolbachia* bacteria and to determine the basic reproduction number. The constructed model consists of six compartments: susceptible humans (S_h), infected humans (I_h), recovered humans (R_h), susceptible vectors (S_v), infected vectors (I_v), and vectors carrying *Wolbachia* (W_v). The research stages include literature review, assumption formulation, model construction, and determination of the basic reproduction number. Based on the conducted research, an SIR SIW model with the basic reproduction number

$$\text{obtained using the Next Generation Matrix is } R_0 = \sqrt{\frac{(-\mu_v + \delta_v)(-\mu_h + \gamma_h)\beta_v A_v \beta_h A_h}{\mu_h(\delta_v + \mu_v)}} \cdot \frac{(\mu_h - \gamma_h)(\mu_v - \delta_v)}{(\mu_h - \gamma_h)(\mu_v - \delta_v)}.$$

Keywords: Dengue Hermorrhagic Fever, *Wolbachia*, Basic reproduction number.

PENDAHULUAN

Penyakit demam berdarah dengue (DBD) adalah salah satu penyakit virus menular dengan perantara vektor yang sering terjadi khususnya, di daerah tropis di seluruh dunia ("World Mosquito Program" 2023). Berdasarkan World Health

Organization atau WHO, DBD adalah salah satu dari sepuluh ancaman kesehatan secara global dan penyakit yang penyebarannya dapat terjadi begitu cepat. Tercatat terjadi peningkatan sebanyak 30 kali lipat selama 50 tahun terakhir.

Penyakit DBD disebabkan oleh virus DENV yang bertransmisi dari gigitan nyamuk ke manusia.

Umumnya vektor dari DBD ini adalah nyamuk *Aedes aegypti* (*Ae. aegypti*) karena nyamuk *Ae. aegypti* banyak ditemukan di daerah tropis dan sub-tropis. Nyamuk *Ae. aegypti* betina berperan sebagai pembawa virus DENV ketika menghisap darah manusia karena nyamuk *Ae. aegypti* betina membutuhkan darah untuk mematangkan telur-telurnya. Ada 4 varian virus DENV yang sudah ditemukan yaitu, DENV-I, DENV-II, DENV-III, DENV-IV. Sementara itu, DENV-V, varian virus DENV ke lima masih ditemukan di Sarawak, Malaysia tercatat dari Oktober 2013 (Mustafa et al. 2015). Penyebaran virus DENV pada manusia dan nyamuk berawal dari manusia dengan virus DENV lalu, menyebar melalui darah yang dihisap oleh nyamuk *Ae. aegypti* betina. Nyamuk *Ae. aegypti* betina penghisap tertular virus DENV dan menghisap darah manusia lain sehingga manusia lain terjangkit virus DENV. Sehingga nyamuk yang tidak menghisap darah manusia terinfeksi DBD tidak akan terinfeksi DBD.

WHO mencatat bahwa kasus terbesar DBD terjadi pada tahun 2019 dengan jumlah kasus mencapai 5,2 juta. Hampir seluruh wilayah di dunia terkena dampaknya dengan wilayah Amerika melaporkan 3,1 juta kasus, 101.000 kasus di Bangladesh, 131.000 kasus di Malaysia, 420.000 kasus di Filipina, dan 420.000 kasus di Vietnam. Mirisnya DBD terus terjadi di Brazil, Kolombia, India, Kenya, Kepulauan Cook, Fiji, Paraguay, Peru, Filipina, Kepulauan Reunion, dan Vietnam pada tahun 2021 ("World Health Organization" 2023).

Sudah banyak upaya dilakukan agar penyakit DBD tidak menyebar diantaranya yang paling umum di Indonesia yaitu penyebaran gas Fogging dan vaksinasi. Cara yang baru yaitu penyebaran nyamuk pembawa bakteri *Wolbachia*. *Wolbachia* adalah bakterial yang tersebar luas secara alami dan ditemukan pada jaringan reproduksi beberapa serangga dan antropoda (Anyanwu, Mbah, and Duru 2020). Bakteri *Wolbachia* bertransmisi melalui sitoplasma telur dari inang serangga. Pada nyamuk sendiri bakteri *wolbachia* ada pada *Ae. albopictus* dan *Culex pipiens* namun, uniknya bakteri ini tidak ada pada *Ae. aegypti*. Menurut Tantojiwo, bakteri *Wolbachia* dapat memperpendek umur serangga inang dan dapat mengurangi kemampuan serangga dalam menginfeksi manusia (Tantowijoyo et al. 2022). Oleh sebab itu, para ilmuwan melihat adanya harapan dalam mengurangi penyebaran penyakit yang berasal dari serangga seperti nyamuk *Ae. aegypti* sebagai vektor penyakit DBD. Selain penyakit DBD, bakteri *Wolbachia* juga terbukti dapat mengurangi penyebaran virus chikungunya (CHIKV) dan Zika (ZIKV) pada *Ae. aegypti* (Moreira et al. 2009; Dutra et al. 2015). Oleh karena itu,

penelitian tentang *Wolbachia* masih terus dikembangkan dalam rangka menekan penyebaran penyakit DBD di dunia. Penelitian tentang bakteri *Wolbachia* sebagai kontrol penyebaran penyakit masih dilakukan hingga saat ini.

Dilihat dari perspektif matematika, peristiwa penyebaran penyakit dapat dimodelkan agar dapat melihat perilaku-perilaku yang mempengaruhi penyebaran virus. Sehingga nantinya perilaku yang dimodelkan dapat diuji dalam kehidupan nyata. Banyak peneliti yang telah berkontribusi dalam menganalisis penyebaran penyakit DBD dengan perantara model matematika. Megawati dan Dipo (2023) melakukan penelitian penyebaran virus DENV dengan mengkonstruksi model SI-UV dan menambahkan efek penolak nyamuk oles. Dimana SI adalah populasi manusia (*Susceptible human* (S) dan *Infected human* (I)) sedangkan populasi nyamuk dilambangkan dengan UV (*Susceptible vector* (U) dan *Infected vector* (V)). Hasil penelitian menyatakan bahwa dengan adanya populasi manusia yang menggunakan obat nyamuk oles dapat membantu pengendalian penyebaran virus DENV ("A Stability and Optimal Control Analysis on a Dengue Transmission Model with Mosquito Repellent" 2023). Sementara itu, Ouedraogo dan Guiro (2023) meneliti penyebaran virus DENV dengan model yang sama namun, ditambahkan kompartemen R (*Recovered human*). Hasil penelitian menyatakan bahwa parameter yang melambangkan kematian vektor nyamuk (μ_v) akan menjadi kontrol terbaik dalam penyebaran penyakit demam berdarah dengue (Ouedraogo and Guiro 2023). Sementara itu, Zhang dan Lui (2020) meneliti penyebaran penyakit DBD dengan adanya bakteri *Wolbachia* pada nyamuk. Dalam penelitiannya Zhang dan Lui mengaku bahwa ada beberapa parameter yang menyebabkan model tidak dapat terukur dan terprediksi secara akurat (Zhang and Lui 2020).

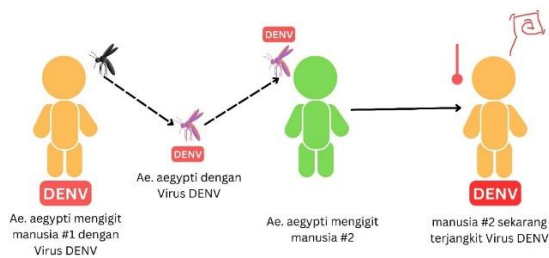
Berdasarkan uraian diatas, maka pada penelitian ini akan mengkaji penyebaran virus DENV pada nyamuk *Ae. aegypti* yang mengadaptasi ide dari penelitian Zhang dan Lui (2020). Model akan dikembangkan dengan menambahkan kompartemen W_v mewakili populasi nyamuk *Ae. aegypti* yang tertular bakteri *Wolbachia* yang diambil dari populasi nyamuk *Susceptible vector* (S_v) dan *Infected vector* (I_v). Sehingga akan tercipta model baru yaitu SIR - SIW (*Susceptible human-Infected human-Recovered human-Susceptible mosquito-Infected mosquito-Wolbachia carry mosquito*).

KAJIAN TEORI

DBD

Demam berdarah dengue disebabkan oleh 5 virus dengue yaitu DENV I - V. demam berdarah dengue memiliki beberapa sebutan yaitu, demam berdarah dengue dengue (DBD) atau demam berdarah klasik sedangkan demam berdarah dengue yang parah disebut sindrom syok dengue (SSD) (Yong Chung Han 2018). Berdasarkan hasil pencatatan di Hawaii pada 1944, kasus pertama DBD ditemukan di Jepang dan Prancis pada tahun 1943 (Hotta 1952). Kasus pertama ini ditimbulkan oleh virus DENV I. Sedangkan virus DENV II - V mulai bermunculan dari tahun 1944-1953 di Asia Tenggara (Messina et al. 2014). Penyakit DBD disebabkan oleh vektor utama yaitu nyamuk *Ae. aegypti* (Mousson et al. 2005).

Penyebaran virus DENV pada manusia dan nyamuk berawal dari manusia dengan virus DENV lalu, menyebar melalui darah yang dihisap oleh nyamuk *Ae. aegypti* betina. Nyamuk *Ae. aegypti* betina penghisap tertular virus DENV dan menghisap darah manusia lain sehingga manusia lain terjangkit virus DENV seperti pada gambar 2.1 Sehingga nyamuk yang tidak menghisap darah manusia DBD tidak akan terinfeksi DBD.



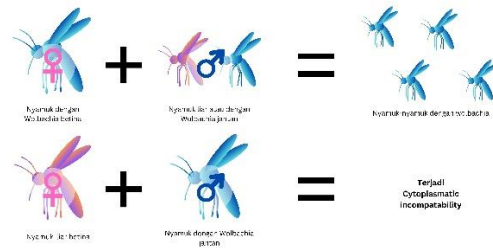
Gambar 1. Proses Punularan Penyakit DBD

WOLBACHIA

Wolbachia adalah bakteri yang umumnya ditularkan melalui induk dan hidup bersimbiosis dengan banyak spesies serangga dan antropoda. *Wolbachia* dapat menjadi perhatian dalam pencegahan penyebaran penyakit demam berdarah karena ketika nyamuk *Ae. aegypti* terpapar bakteri *wolbachia* mereka tidak dapat menyebarkan virus DENV kepada manusia yang digigit. Hal ini terjadi karena *wolbachia* dapat menekan muatan virus DENV yang terdapat pada nyamuk *Ae. aegypti* yang terpapar (Flores et al. 2020)

Proses penularan bakteri *wolbachia* berawal pada nyamuk *Ae. aegypti* dengan *wolbachia* dilepaskan pada lingkungan bebas (Duprez et al. 2021). Cara nyamuk *Ae. aegypti* dengan *wolbachia* menyebarkan bakterinya adalah dengan mengawini nyamuk *Ae. aegypti* liar (yang telah terinfeksi atau

belum terinfeksi). Nyamuk *Ae. aegypti* liar yang dikawini akan terpapar bakteri *wolbachia* lalu, nyamuk *Ae. aegypti* liar tidak dapat menyebarkan virus DENV karena telah ditekan oleh bakteri *wolbachia*, peristiwa ini dinamakan *pathogen interference* (PI) atau gangguan patogen. Kasus khusus yang terjadi jika nyamuk jantan dengan *wolbachia* mengawini nyamuk *Ae. aegypti* betina liar, maka embrio yang lahir tidak akan menetas (Joubert et al. 2016). Hal ini terjadi karena adanya *cytoplasmatic incompatibility* (CI) atau ketidakcocokan sitoplasma. CI adalah jenis parasitisme yang muncul pada reproduksi serangga. CI pada kasus ini disebabkan karena ketika nyamuk jantan dengan *wolbachia* mengawini nyamuk betina liar, nyamuk betina liar akan kekurangan daya hidupnya sehingga tidak dapat menghasilkan sitoplasma yang sehat.. Semua proses ini akan divualisasikan pada gambar 2.1 berikut.



Gambar 2. Proses penyebaran bakteri Wolbachia

MODEL SIR

Dalam pemodelan matematika epidemi, model SIR sangat umum digunakan. Model SIR dirumuskan oleh Keckmack-McKendrick sebagai berikut (Li 2018).

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta IS \\ \frac{dI}{dt} &= \beta IS - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I, \end{aligned} \quad (1)$$

Ketika muncul sebuah penyakit rumusan Kekckmack-McKendick membagi populasi menjadi tiga, yaitu :

1. Populasi *Susceptible* atau rentan (S) adalah populasi yang sehat namun, rentan terinfeksi penyakit.
2. Populasi *Infected* atau terinfeksi (I) adalah populasi yang terinfeksi penyakit.
3. Populasi *Recovered* atau sembuh (R) adalah populasi yang terpapar penyakit namun, sudah sembuh.

SISTEM PERSAMAAN DIFERENSIAL

Persamaan diferensial adalah persamaan yang didalamnya memuat sebuah turunan (Boyce 2012). Persamaan diferensial dapat dituliskan sebagai berikut.

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x), \quad (2)$$

dengan $f(t, x)$ adalah fungsi bergantung pada t dan $\frac{dx}{dt}$ (dapat juga dinotasikan dengan x' atau $x'(t)$) adalah turunannya. Sedangkan f adalah fungsi diferensial (*Differential Equations, Dynamical Systems, and an Introduction to Chaos* 2013).

BILANGAN REPRODUKSI DASAR

Pada pemodelan matematika epidemi, R_0 digunakan untuk mengidentifikasi jumlah orang rentan yang tertular oleh orang sakit selama periode infeksi dalam suatu populasi yang rentan (Department of Physical Sciences, Chuka University, P.O. Box 109-60400, Kenya et al. 2023).

Van den Driessche (2002) menyajikan metode *Next Generation Matrix* sebagai salah satu metode untuk memperoleh R_0 . Untuk membuat matriks *Next Generation Matrix*, harus mengidentifikasi dua kompartemen yang terinfeksi dan tidak terinfeksi. Dengan menentukan matriks NGM berdasarkan berikut.

$$G = FV^{-1} \text{ atau } R_0 = \rho(FV^{-1}), \quad (3)$$

yang selanjutnya akan dinamakan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari *Next Generation Matrix* dengan $\rho(G)$ adalah rasiu spectral atau nilai eigen dominan pada matriks G (Department of Physical Sciences, Chuka University, P.O. Box 109-60400, Kenya et al. 2023).

METODE

Penelitian ini adalah jenis penelitian studi literatur yang membahas tentang penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan model SIR-SIW. Dilakukannya studi literatur bertujuan untuk mendapatkan informasi atau data dari buku atau referensi. Data populasi dan parameter penelitian dirujuk dari penelitian yang dilakukan oleh Zhang dan Lui (2020). Parameter baru yang belum muncul pada penelitian sebelumnya, maka nilainya akan menggunakan asumsi. Model dan diagram kompartemen nantinya akan divisualisasikan dengan bantuan *Matlab*. Teknik

pengumpulan data yang dilakukan pada penelitian ini yaitu dengan mengumpulkan informasi tentang penyakit demam berdarah dengue disertai dengan model penyebaran dari penyakitnya yang bersumber dari hasil penelitian terdahulu, jurnal-jurnal ilmiah dan materi terkait dengan penelitian ini yang diakses secara daring dengan perantara internet. Tahapan yang dilakukan adalah studi literatur, Menyusun asumsi, mengkonstruksi model dan diagram kompartemen, menentukan titik kesetimbangan, menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0), Analisa kestabilan, simulasi dan merangkai kesimpulan dan saran.

HASIL DAN PEMBAHASAN

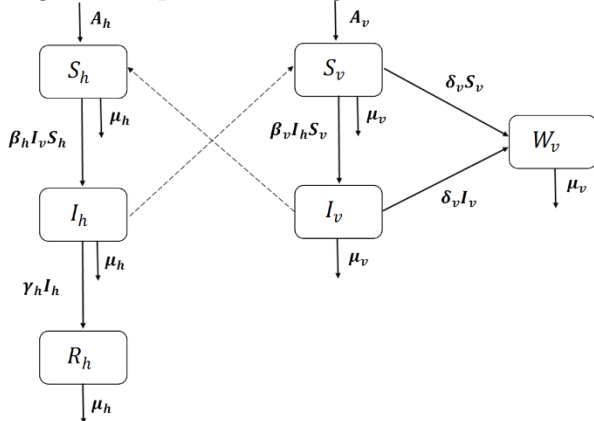
Model penyebaran penyakit DBD dengan penyebaran bakteri *Wolbachia* berfokus pada populasi manusia dan nyamuk *Ae. aegypti* sebagai vektor utama. Dimana penyebaran penyakit DBD dapat disebarkan oleh manusia dan nyamuk *Ae. aegypti*. Penyebaran diawali dengan adanya yang manusia terinfeksi DBD. Manusia terinfeksi lalu digigit nyamuk rentan *Ae. aegypti* yang mengakibatkan nyamuk tersebut terjangkit DBD. Ketika nyamuk terinfeksi menggigit manusia rentan lain, maka manusia rentan akan menjadi terinfeksi penyakit DBD. Sedangkan untuk penyebaran bakteri *Wolbachia* dianggap sudah menyebar sehingga dapat mempengaruhi populasi nyamuk *Ae. aegypti* rentan dan terinfeksi. Untuk populasi manusia dapat sembuh dari penyakit DBD namun, untuk populasi nyamuk tidak dapat sembuh karena masa hidup yang terlalu singkat.

Berikut diberikan beberapa asumsi yang digunakan dalam pembentukan model penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan penyebaran bakteri *Wolbachia*, yaitu:

1. Pada model dibagi menjadi dua populasi yaitu, manusia dan vektor. Vektor dalam penelitian ini adalah nyamuk *Ae. aegypti*.
2. Dalam penelitian ini, seharusnya ada interaksi antara nyamuk rentan dan terinfeksi DBD dengan nyamuk dengan *wolbachia* yang membuat sebagian dari populasi rentan dan terinfeksi menjadi nyamuk dengan *wolbachia* namun, terlalu rumit jika dimodelkan demikian sehingga, dengan asumsi tersebut nyamuk *wolbachia* dianggap sudah menyebar dan menyebarkan bakteri *wolbachia* kepada nyamuk rentan dan terinfeksi. Sehingga, kompartemen W_v diambil sebagian dari nyamuk rentan dan sebagian dari nyamuk terinfeksi.

3. Populasi diasumsikan tertutup sehingga tidak ada populasi yang masuk maupun keluar.
4. Nyamuk terinfeksi DBD tidak dapat sembuh.
5. Keberhasilan gigitan nyamuk *Ae. aegypti* ke manusia rentan dianggap berhasil.
6. Masa inkubasi virus DENV diabaikan karena penelitian berfokus pada perpindahan populasi vektor.
7. Vektor yang terpapar bakteri *wolbachia* tidak dapat menularkan semua varian virus DENV.
8. Tingkat individu yang lahir pada populasi manusia rentan sebesar A_h .
9. Tingkat vektor yang lahir pada populasi vektor rentan sebesar A_v .
10. Individu manusia rentan melakukan kontak dengan manusia terinfeksi DBD dengan tingkat sebesar β_h .
11. Nyamuk rentan melakukan kontak dengan nyamuk terinfeksi DBD dengan tingkat sebesar β_v .
12. Individu manusia yang sembuh akan kebal terhadap penyakit dan tidak rentan kembali dengan tingkat sebesar γ_h .
13. Setiap subpopulasi mengalami kematian alami dengan tingkat μ_h pada manusia dan μ_v pada nyamuk.
14. Kematian karena penyakit diabaikan karena penelitian lebih fokus pada perubahan populasi nyamuk.

Berdasarkan asumsi di atas dapat dibuat diagram kompartemen sebagai berikut.



Gambar 3. Diagram Kompartemen SIR SIW

Diperoleh sistem persamaan diferensial di bawah ini :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_h}{dt} &= A_h N_h - \frac{\beta_h I_v S_h}{N_v} - \mu_h S_h \\
 \frac{dI_h}{dt} &= \frac{\beta_h I_v S_h}{N_v} - \gamma_h I_h - \mu_h I_h \\
 \frac{dR_h}{dt} &= \gamma_h I_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dS_v}{dt} &= A_v N_v - \frac{\beta_v I_h S_v}{N_h} - \delta_v S_v - \mu_v S_v \\
 \frac{dI_v}{dt} &= \frac{\beta_v I_h S_v}{N_h} - \delta_v I_v - \mu_v I_v \\
 \frac{dW_v}{dt} &= \delta_v S_v + \delta_v I_v - \mu_v W_v,
 \end{aligned} \tag{4}$$

Dengan $S_h = \frac{s_h}{N_h}; I_h = \frac{i_h}{N_h}; R_h = \frac{r_h}{N_h}; S_v = \frac{s_v}{N_v}; I_v = \frac{i_v}{N_v}; W_v = \frac{w_v}{N_v}$. Sehingga terbentuk sistem baru sebagai berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_h}{dt} &= A_h - \beta_h I_v S_h - \mu_h S_h \\
 \frac{dI_h}{dt} &= \beta_h I_h S_h - \gamma_h I_h - \mu_h I_h \\
 \frac{dR_h}{dt} &= \gamma_h I_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dS_v}{dt} &= A_v - \beta_v I_h S_v - \delta_v S_v - \mu_v S_v \\
 \frac{dI_v}{dt} &= \beta_v I_h S_v - \delta_v I_v - \mu_v I_v \\
 \frac{dW_v}{dt} &= \delta_v S_v + \delta_v I_v - \mu_v W_v,
 \end{aligned} \tag{5}$$

Deskripsi parameter yang digunakan dalam model di atas dapat dilihat sebagai berikut :

Parameter	Definisi
A_h	Tingkat kelahiran pada manusia
A_v	Tingkat kelahiran pada vektor
μ_h	Tingkat kematian pada manusia
μ_v	Tingkat kematian pada vektor
β_h	Tingkat terinfeksi pada manusia ke manusia
β_v	Tingkat terinfeksi pada vektor ke vektor
γ_h	Tingkat kesembuhan pada manusia
δ_v	Tingkat terpapar bakteri <i>wolbachia</i> pada vektor

Tabel 1. Parameter pada model SIR SIW

TITIK KESETIMBAGAN BEBAS PENYAKIT

$$E_0 = \left(\frac{A_h}{\mu_h}, 0, 0, \frac{A_v}{\delta_v + \mu_v}, 0, \frac{\delta_v A_v}{\mu_v(\delta_v + \mu_v)} \right). \tag{6}$$

BILANGAN REPRODUKSI DASAR

Dalam menentukan bilangan reproduksi dasar ditentukan melalui langkah Next Generation Matrix. Pada model penyebaran penyakit demam berdarah dengan adanya penyebaran bakteri *Wolbachia*, infeksi berada dalam kompartemen I_h dan I_v . Sehingga, persamaan diferensial yang akan dilanjutkan menggunakan NGM adalah

$$\begin{aligned}\frac{dI_h}{dt} &= \beta_h I_h S_h - \gamma_h I_h - \mu_h I_h \\ \frac{dI_v}{dt} &= \beta_v I_h S_v - \delta_v I_v - \mu_v I_v\end{aligned}\quad (6)$$

Dimana matriks F adalah vektor transmisi dari infeksi dan V adalah vektor transisi dari infeksi. Sehingga vektor F dan V dapat ditulis sebagai berikut.

$$\begin{aligned}F &= \begin{pmatrix} 0 & \beta_h S_h \\ \beta_v S_v & 0 \end{pmatrix} V = \begin{pmatrix} \gamma_h + \mu_h & 0 \\ 0 & \delta_v + \mu_v \end{pmatrix} \\ V^{-1} &= \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\delta_v + \mu_v} \end{pmatrix}\end{aligned}\quad (7)$$

Matriks G dapat didapatkan dengan mengetahui matriks F dan V^{-1} . Sehingga didapatkan matriks G sebagai berikut.

$$\begin{aligned}G &= FV^{-1} \\ G &= \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta_h S_h}{\delta_v + \mu_v} \\ \frac{\beta_v S_v}{\gamma_h + \mu_h} & 0 \end{pmatrix}\end{aligned}\quad (8)$$

Dari matriks tersebut dapat dicari nilai eigen dari matriks G dan nilai eigen dari matriks G ialah

$$\begin{aligned}\lambda_1 &= \sqrt{\frac{\beta_v S_v \beta_h S_h}{(\gamma_h + \mu_h)(\delta_v + \mu_v)}}; \\ \lambda_2 &= -\sqrt{\frac{\beta_v S_v \beta_h S_h}{(\gamma_h + \mu_h)(\delta_v + \mu_v)}}.\end{aligned}\quad (9)$$

Sehingga didapatkan bilangan reproduksi dasar sebagai berikut dan disubstitusi (E_0).

$$R_0 = \frac{\sqrt{\frac{(-\mu_v + \delta_v)(-\mu_h + \gamma_h)\beta_v A_v \beta_h A_h}{\mu_h(\delta_v + \mu_v)}}}{(\mu_h - \gamma_h)(\mu_v - \delta_v)}.\quad (10)$$

PENUTUP

SIMPULAN

Berdasarkan hasil pembahasan, didapatkan model penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan adanya penyebaran bakteri *Wolbachia* adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned}\frac{dS_h}{dt} &= A_h - \beta_h I_v S_h - \mu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \beta_h I_h S_h - \gamma_h I_h - \mu_h I_h \\ \frac{dR_h}{dt} &= \gamma_h I_h - \mu_h R_h \\ \frac{dS_v}{dt} &= A_v - \beta_v I_h S_v - \delta_v S_v - \mu_v S_v \\ \frac{dI_v}{dt} &= \beta_v I_h S_v - \delta_v I_v - \mu_v I_v \\ \frac{dW_v}{dt} &= \delta_v S_v + \delta_v I_v - \mu_v W_v,\end{aligned}\quad (5)$$

Dengan menggunakan metode Next Generation Matrix (NGM) diperoleh bilangan reprodksi dasar dari model yang telah dikonstruksi adalah $R_0 =$

$$\frac{\sqrt{\frac{(-\mu_v + \delta_v)(-\mu_h + \gamma_h)\beta_v A_v \beta_h A_h}{\mu_h(\delta_v + \mu_v)}}}{(\mu_h - \gamma_h)(\mu_v - \delta_v)}.$$

SARAN

Pada artikel model penyebaran penyakit demam berdarah dengue dengan adanya penyebaran bakteri *Wolbachia* ini mengurangi interaksi antara vektor dengan *Wolbachia* yang berasal dari laboratorium dengan vektor yang rentan dan terinfeksi. Sehingga, penelitian selanjutnya dapat menambahkan faktor-faktor sejenis untuk menyempurnakan model ini. Analisis kestabilan dan simulasi numerik dapat bervariasi untuk penelitian selanjutnya.

DAFTAR PUSTAKA

- "A Stability and Optimal Control Analysis on a Dengue Transmission Model with Mosquito Repellent." 2023. *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience*. <https://doi.org/10.28919/cmbn/8134>.
- Anyanwu, Michael C, Godwin C Mbah, and Emmanuel C Duru. 2020. "ON MATHEMATICAL MODEL FOR ZIKA VIRUS DISEASE CONTROL WITH WOLBACHIA-INFECTED MOSQUITOES" 47 (1).
- Boyce. 2012. *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*. Vol. 10.
- Chau, Melissa, and Ryan Reith. 2020. "IDC - Smartphone Market Share - Vendor."

- Smartphone Market Share. 2020. <https://www.idc.com/promo/smartphone-market-share/vendor>.
- Department of Physical Sciences, Chuka University, P.O. Box 109-60400, Kenya, Jimrise O Ochwach, Mark O Okongo, and Department of Physical Sciences, Chuka University, P.O. Box 109-60400, Kenya. 2023. "On Basic Reproduction Number R0 : Derivation and Application." *Journal of Engineering and Applied Sciences Technology*, September, 1-14. [https://doi.org/10.47363/JEAST/2023\(5\)173](https://doi.org/10.47363/JEAST/2023(5)173).
- Differential Equations, Dynamical Systems, and an Introduction to Chaos*. 2013. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/C2009-0-61160-0>.
- Duprez, Michel, Romane Hélie, Yannick Privat, and Nicolas Vauchelet. 2021. "Optimization of Spatial Control Strategies for Population Replacement, Application to *Wolbachia*." Edited by G. Buttazzo, E. Casas, L. De Teresa, R. Glowinski, G. Leugering, E. Trélat, and X. Zhang. *ESAIM: Control, Optimisation and Calculus of Variations* 27: 74. <https://doi.org/10.1051/cocv/2021070>.
- Dutra, Heverton Leandro Carneiro, Lilha Maria Barbosa Dos Santos, Eric Pearce Caragata, Jéssica Barreto Lopes Silva, Daniel Antunes Maciel Villela, Rafael Maciel-de-Freitas, and Luciano Andrade Moreira. 2015. "From Lab to Field: The Influence of Urban Landscapes on the Invasive Potential of *Wolbachia* in Brazilian *Aedes Aegypti* Mosquitoes." Edited by Mark Quentin Benedict. *PLOS Neglected Tropical Diseases* 9 (4): e0003689. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003689>.
- Flores, Heather A., Jyotika Taneja De Bruyne, Tanya B. O'Donnell, Vu Tuyet Nhu, Nguyen Thi Giang, Huynh Thi Xuan Trang, Huynh Thi Thuy Van, et al. 2020. "Multiple *Wolbachia* Strains Provide Comparative Levels of Protection against Dengue Virus Infection in *Aedes Aegypti*." Edited by Francis Michael Jiggins. *PLOS Pathogens* 16 (4): e1008433. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1008433>.
- Hotta, S. 1952. "Experimental Studies on Dengue: I. Isolation, Identification and Modification of the Virus." *Journal of Infectious Diseases* 90 (1): 1-9. <https://doi.org/10.1093/infdis/90.1.1>.
- Joubert, D. Albert, Thomas Walker, Lauren B. Carrington, Jyotika Taneja De Bruyne, Duong Hue T. Kien, Nhat Le Thanh Hoang, Nguyen Van Vinh Chau, Iñaki Iturbe-Ormaetxe, Cameron P. Simmons, and Scott L. O'Neill. 2016. "Establishment of a *Wolbachia* Superinfection in *Aedes Aegypti* Mosquitoes as a Potential Approach for Future Resistance Management." Edited by David S. Schneider. *PLOS Pathogens* 12 (2): e1005434. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005434>.
- Li, Michael Y. 2018. *An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases*. Cham: Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-72122-4>.
- Masitoh, Siti. 2018. "Blended Learning Berwawasan Literasi Digital Suatu Upaya Meningkatkan Kualitas Pembelajaran Dan Membangun Generasi Emas 2045." *Proceedings of the ICECRS* 1 (3): 13-34. <https://doi.org/10.21070/piccrs.v1i3.1377>.
- Messina, Jane P., Oliver J. Brady, Thomas W. Scott, Chenting Zou, David M. Pigott, Kirsten A. Duda, Samir Bhatt, et al. 2014. "Global Spread of Dengue Virus Types: Mapping the 70 Year History." *Trends in Microbiology* 22 (3): 138-46. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2013.12.011>.
- Moreira, Luciano A., Iñaki Iturbe-Ormaetxe, Jason A. Jeffery, Guangjin Lu, Alyssa T. Pyke, Lauren M. Hedges, Bruno C. Rocha, et al. 2009. "A *Wolbachia* Symbiont in *Aedes Aegypti* Limits Infection with Dengue, Chikungunya, and Plasmodium." *Cell* 139 (7): 1268-78. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.11.042>.
- Mousson, Laurence, Catherine Dauga, Thomas Garrigues, Francis Schaffner, Marie Vazeille, and Anna-Bella Failloux. 2005. "Phylogeography of *Aedes (Stegomyia) Aegypti* (L.) and *Aedes (Stegomyia) Albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) Based on Mitochondrial DNA Variations." *Genetical Research* 86 (1): 1-11. <https://doi.org/10.1017/S0016672305007627>.
- Mustafa, M. S., V. Rasotgi, S. Jain, and V. Gupta. 2015. "Discovery of Fifth Serotype of Dengue Virus (DENV-5): A New Public Health Dilemma in Dengue Control." *Medical Journal Armed Forces India* 71 (1): 67-70. <https://doi.org/10.1016/j.mjafi.2014.09.011>.

- Ouedraogo and Guiro. 2023. "Analysis of Dengue Disease Transmission Model with General Incidence Functions."
- Tantowijoyo, Warsito, Stephanie K. Tanamas, Indah Nurhayati, Sigit Setyawan, Nida Budiwati, Iva Fitriana, Inggred Ernesia, et al. 2022. "Aedes Aegypti Abundance and Insecticide Resistance Profiles in the Applying Wolbachia to Eliminate Dengue Trial." Edited by Rhoel Ramos Dinglasan. *PLOS Neglected Tropical Diseases* 16 (4): e0010284. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010284>.
- "World Health Organization." 2023. Dengue and Severe Dengue. November 18, 2023. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>.
- "World Mosquito Program." 2023. Dengue. November 18, 2023. <https://www.worldmosquitoprogram.org/en/learn/mosquito-borne-diseases/dengue#>.
- Yong Chung Han. 2018. "Mathematics of Viral Infections: A Review of Modeling Approaches and A Case-Study for Dengue Dynamics." The Arctic University of Norway.
- Zhang, Hong, and Roger Lui. 2020. "Releasing Wolbachia-Infected Aedes Aegypti to Prevent the Spread of Dengue Virus: A Mathematical Study." *Infectious Disease Modelling* 5: 142–60. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2019.12.004>.