

BAB I PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Virus Zika adalah virus dari *genus Flavivirus* yang ditularkan dari gigitan nyamuk *Aedes aegypti* pada daerah tropis, *Aedes africanus* pada daerah Afrika, dan *Aedes albopictus* pada daerah lainnya. Virus Zika merupakan satu famili dengan virus penyebab demam berdarah, demam kuning, dan demam *West Nile* yaitu famili *Flaviviridae*. Virus Zika diisolasi pertama kali dari monyet di Hutan Zika Uganda Afrika pada tahun 1947. Pada tahun 1948 virus Zika diisolasi dari nyamuk *Aedes africanus* di hutan yang sama dan pada tahun 1952 diisolasi dari manusia di Nigeria. Penyebaran virus Zika akhirnya menyebar di Pasifik dan Amerika (ECDC, 2016).

Pada umumnya gejala penyakit virus Zika adalah ruam dengan atau tanpa demam selama 2 sampai 7 hari, konjungtivitis non-purulen atau mata merah muda, kelelahan, sakit kepala, nyeri otot dan sendi. Namun terdapat 80% orang yang terinfeksi virus Zika tidak mengalami gejala sama sekali atau disebut dengan pembawa asimtomatik. Masa inkubasi penyakit virus Zika berlangsung selama 3 sampai 12 hari. Penyakit virus Zika digolongkan sebagai penyakit ringan, akan tetapi penyakit ini berbahaya jika menjangkiti seorang wanita yang sedang hamil karena dapat menyebabkan kerusakan otak pada janin dan malformasi (perkembangan abnormal suatu organ dan jaringan) (ECDC, 2016). Pada 30 Mei 2016 WHO juga menyimpulkan infeksi virus Zika pada kehamilan menyebabkan mikrosefali dan sebagai pemicu sindrom *Guillain-Barre* (WHO, 2017). Virus Zika juga dapat ditularkan melalui kontak seksual. Berdasarkan hasil yang diperoleh dari temuan ECDC, 2016, hal ini berawal pada kasus laki-laki yang terinfeksi virus Zika menularkan penyakit virus Zika kepada seorang wanita setelah melakukan hubungan seksual. Penularan virus Zika paling lambat 5-6 minggu setelah terjadinya kontak seksual. Penyebaran virus Zika juga dapat terjadi melalui transfusi darah dan transplantasi organ (ECDC, 2016). Selain itu,

akibat wabah besar-besaran virus Zika menyebabkan komplikasi klinis pada penderita virus Zika. **Tsetsarkin dkk., 2016**, telah mengembangkan penelitian sistem genetik berdasarkan epidemi virus Zika melalui isolasi selama epidemi tahun 2015 di Brazil dan **Goo dkk., 2016**, melakukan penelitian mengenai perbandingan konsistensi virus Zika terhadap pengaruh faktor luar dalam suatu larutan pada suhu fisiologis (keberlangsungan sistem kehidupan). Dari hasil temuan **Tsetsarkin dkk., 2016**, dan **Goo dkk., 2016**, disimpulkan bahwa mutasi genetik terjadi pada virus Zika yang dapat menyebabkan perubahan genetik pada manusia yang telah terjangkit virus Zika yaitu kembalinya manusia sembuh menjadi manusia yang rentan terhadap virus Zika (**Aranda dkk., 2019**).

Pada tahun 2007 terjadi wabah penyakit pertama yang disebabkan oleh virus Zika di Negara Bagian Yap dan Negara Federasi Mikronesia. Pada Oktober 2013 terjadi wabah penyakit terbesar dengan 1.400 kasus penyakit virus Zika di Kaledonia Baru dan 900 kasus penyakit virus Zika di Kepulauan Cook (**Pessoa dkk., 2016**). Pada tahun 2015 wabah penyakit virus Zika menyebar di Amerika dengan kasus pertama dari Brasil dan menyebar ke negara di Amerika Selatan. Penyebaran virus Zika di Brasil mengalami peningkatan disertai dengan munculnya jumlah bayi yang lahir berkepala kecil yang diidentifikasi sebagai mikrosefali dan terjadi gangguan neurologis oleh sindrom *Guillain-Barre* yang mengakibatkan kelumpuhan serta kematian (**WHO, 2017**). Dari pemeriksaan Publik Otoritas Kesehatan Brasil pada Oktober 2015 hingga Februari 2016 lebih dari 6.000 kasus masyarakat Brasil terinfeksi penyakit virus Zika dan 139 kasus mikrosefali kongenital. Di Kolombia diidentifikasi dari 98 sampel pemeriksaan terdapat 9 sampel teridentifikasi penyakit virus Zika, kemudian berkembang dari Desember 2015 hingga Februari 2016 teridentifikasi 200 kasus sindrom *Guillain-Barre* yang menyebabkan 5 orang meninggal (**Goswami, 2018**). Pada tahun sebelumnya antara tahun 2013 dan 2015 wabah penyakit virus Zika terjadi di Kepulauan Pasifik dengan wabah penyakit virus Zika terbesar di Polinesia Prancis dengan perkiraan 28.000 kasus (**ECDC, 2016**).

Berbagai pihak peneliti telah mempelajari dan menganalisis tentang penyebaran dan dinamika transmisi virus Zika dengan model matematika sebagai alatnya. **Bonyah dan Okosun (2016)** merumuskan model matematika penyebaran virus Zika dengan bentuk sederhana SIR-SI dan mempertimbangkan bahwa populasi terinfeksi hanya dipengaruhi oleh gigitan nyamuk. **Agusto dkk. (2017)** merumuskan model matematika dari virus Zika dengan transmisi vertikal yaitu pertama mempertimbangkan secara keseluruhan penularan virus Zika pada populasi manusia dewasa, kedua mempertimbangkan penularan virus Zika ke bayi baik secara langsung oleh nyamuk maupun transmisi vertikal dari ibu. Kemudian, **Gosmawi dkk. (2018)** merumuskan model matematika penyakit virus Zika dengan mempertimbangkan penularan virus Zika berdasarkan interaksi jenis kejadian antara manusia ke manusia melalui hubungan seksual. Selanjutnya, **Aranda dkk. (2019)** merumuskan model matematika SIR-SI dengan mempertimbangkan penyebaran virus Zika disebabkan oleh mutasi genetik virus Zika. Selain itu, **Aranda dkk. (2019)** mengimplementasikan model matematikanya pada keadaan riil di Colombia pada tahun 2016 dengan melakukan estimasi parameter. Model matematika penyebaran virus Zika terbaru oleh **Khan dkk. (2019)** menambahkan populasi pembawa asimtomatik atau populasi yang tidak menampakkan gejala terinfeksi virus Zika. Penambahan populasi asimtomatik dilakukan karena populasi pembawa asimtomatik virus Zika penting dan perlu diperhitungkan sebab memiliki kemampuan ikut serta atau termasuk ke dalam bagian generasi terinfeksi. Secara umum hanya orang dengan dugaan terinfeksi yang menjalani tes laboratorium infeksi virus Zika sebagai upaya negara dalam pencegahan penyebaran virus Zika, sehingga kemungkinan lainnya diabaikan dan tidak termasuk dalam garis besar gejala. Padahal mengetahui pembawa asimtomatik virus Zika penting dilakukan untuk keefektifan biaya termasuk vaksin dikemudian hari, serta untuk pengobatan infeksi virus Zika (**WHO, 2018**).

Pemodelan matematika hasil penelitian di atas menggunakan Sistem Persamaan Differensial Biasa (SPDB). Terdapat hasil penelitian dengan

pendekatan Sistem Persamaan Diferensial Fraksional (SPDF) yang merupakan perumuman Sistem Persamaan Diferensial Biasa (SPDB). SPDF berkaitan pada sistem dengan memori yang terjadi pada sistem biologi. Efek memori tersebut memiliki peran penting pada penyebaran suatu penyakit yaitu adanya memori efek di kejadian sebelumnya akan mempengaruhi penyebaran penyakit di masa mendatang (**Utoyo dkk., 2018**). Pemodelan matematika berbentuk SPDF pada penyebaran virus Zika telah banyak dilakukan. **El-Saka (2016)** mengusulkan model fraksional SIRS mengenai rute penyebaran virus Zika dan **Alkahtani dkk. (2017)** mengusulkan model matematika orde fraksional SIR-SI mengenai virus Zika menggunakan pendekatan turunan fraksional Caputo.

Berdasarkan pemodelan matematika yang telah diusulkan di atas model matematika dengan mempertimbangkan populasi pembawa asimtomatik (**Khan dkk., 2019**) dan pengaruh mutasi genetik (**Aranda dkk., 2019**) pada penyebaran virus Zika secara bersamaan ke dalam model matematika masih belum dibahas dan diteliti dalam bentuk Sistem Persamaan Diferensial Biasa (SPDB) maupun Sistem Persamaan Diferensial Fraksional (SPDF). Oleh sebab itu, penulis tertarik untuk melakukan kontruksi dan modifikasi model penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi pembawa asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik dengan menggunakan Sistem Persamaan Diferensial Fraksional (SPDF). Selain itu, penulis mengimplementasikan model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi pembawa asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik pada kondisi riil di Negara Colombia pada tahun 2016 dengan cara estimasi parameter.

1.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah dijelaskan maka rumusan masalah yang dapat dibentuk antara lain sebagai berikut:

1. Bagaimana bentuk model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik?

2. Bagaimana hasil estimasi parameter dari model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik?
3. Bagaimana analisis kestabilan titik setimbang dari model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik?
4. Bagaimana interpretasi dari hasil simulasi numerik pada model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik?

1.3. Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini antara lain sebagai berikut:

1. Menentukan bentuk model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik.
2. Menentukan hasil estimasi parameter dari model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik.
3. Menentukan analisis kestabilan titik setimbang dari model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik.
4. Menginterpretasikan hasil simulasi numerik pada model matematika orde fraksional penyebaran virus Zika dengan mempertimbangkan populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik.

1.4. Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini antara lain sebagai berikut:

1. Mengetahui pengaruh populasi asimtomatik dan pengaruh mutasi genetik pada penyebaran virus Zika.

2. Dapat digunakan sebagai bahan referensi bagi pemerintah dalam melakukan antisipasi penyebaran virus Zika di Indonesia.

1.5. Batasan Masalah

Batasan masalah dari penelitian ini antara lain sebagai berikut:

1. Model dasar yang digunakan diambil dari hasil penelitian **Khan dkk. (2019)** dan pengembangan parameter diambil dari hasil penelitian **Aranda dkk. (2019)**.
2. Data jumlah populasi manusia terinfeksi virus Zika selama 36 minggu pada Tahun 2016 di Negara Colombia untuk estimasi parameter bersumber dari jurnal penelitian **Aranda dkk. (2019)**.