

BAB I PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Demam berdarah (DB) merupakan suatu penyakit yang disebabkan oleh virus dengue. Virus dengue memiliki empat serotipe virus, yaitu DEN-1, DEN-2, DEN-3, dan DEN-4 (WHO, 2019). Seseorang yang terjangkit salah satu serotipe virus dengue akan memiliki kekebalan yang bersifat sementara terhadap serotipe virus tersebut, namun tidak memiliki kekebalan terhadap tiga tipe virus dengue yang lain (Ohainle dkk, 2011). Walaupun seseorang telah terinfeksi virus dengue sebanyak empat kali dengan serotipe yang berbeda, tidak ada jaminan bahwa seseorang tidak akan terkena DB kembali. Hal ini dikarenakan masing-masing serotipe di setiap negara dapat memiliki sifat yang berbeda, sehingga kekebalan yang terbentuk juga berbeda (WHO, 2019).

Vektor utama yang menularkan demam berdarah adalah nyamuk *Aedes aegypti* betina. Demam berdarah ditemukan di daerah beriklim tropis dan sub tropis di seluruh dunia. Hingga saat ini, demam berdarah telah menyebar dan endemik di wilayah Afrika, Amerika, Mediterania Timur, Asia Tenggara, dan Pasifik Barat. Wilayah Amerika, Asia Tenggara, dan Pasifik Barat adalah wilayah yang paling sering terjadi kasus demam berdarah (WHO, 2019). Setiap tahun, lebih dari 400 juta orang terjangkit demam berdarah dan sebanyak 22.000 orang meninggal karena demam berdarah (CDC, 2019a). Hingga saat ini, pengobatan spesifik untuk demam berdarah masih belum tersedia. Vaksin demam berdarah yang telah tersedia adalah vaksin CYD-TDV (Dengvaxia®) (WHO, 2019).

Salah satu penyakit lain yang disebabkan oleh gigitan nyamuk *Aedes aegypti* sebagai vektor utamanya adalah zika (Wang dan Zhao, 2019). Zika merupakan suatu penyakit yang disebabkan oleh virus zika (ZIKV). Virus zika hanya memiliki satu serotipe virus, yaitu ZIKV-1 (Alshammari dkk, 2018). Terkadang, penyakit zika dapat sembuh dengan sendirinya tanpa memerlukan pengobatan medis (Depkes RI, 2016b). Namun, para dokter harus tetap waspada terhadap pasien zika

yang kambuh kembali. Hal tersebut dikarenakan seseorang yang telah sembuh dari zika dapat menjadi rentan kembali terhadap zika (Edupuganti dkk, 2017). Adanya mutasi virus zika dapat menyebabkan seseorang yang telah sembuh dari zika kembali menjadi rentan terhadap zika (Aranda dkk, 2019).

Zika dapat ditularkan oleh nyamuk di daerah beriklim tropis dan sub tropis. Hingga saat ini, kasus mengenai infeksi virus zika telah terjadi di Amerika, Afrika, dan Asia Pasifik (WHO, 2018b). Jumlah penderita zika yang telah tercatat adalah sebanyak 28.000 orang (PAHO, 2016). Salah satu negara di Asia Tenggara yang telah terinfeksi oleh virus zika adalah Singapura (Depkes RI, 2016a). Selain itu, di Indonesia juga terdapat lima kasus mengenai virus zika yang ditemukan dari tahun 1981 sampai 2016 (Yuningsih, 2016). Pengobatan dan vaksin untuk infeksi virus zika masih belum tersedia (WHO, 2018b).

Demam berdarah dan zika ditularkan melalui nyamuk yang sama, sehingga terdapat kemungkinan bahwa manusia dapat terjangkit kedua penyakit tersebut secara bersamaan. Pada 2014, kasus koinfeksi diantara demam berdarah dan zika telah diidentifikasi pada dua pasien di Kaledonia Baru (Dupont-Rouzeyrol dkk, 2015). Kemudian pada 2016, seorang wisatawan yang kembali dari Haiti terjangkit koinfeksi demam berdarah dan zika (Loeb dkk, 2016). Koinfeksi demam berdarah, zika, dan chikungunya sekaligus terjadi pada pasien dari daerah perbatasan Kolombia dan Venezuela (Carrillo-Hernández dkk, 2018) serta pada ibu hamil di Kolombia (Musso dkk, 2016). Nikaragua juga melaporkan kasus koinfeksi dari tiga penyakit tersebut (Waggoner dkk, 2016). Kasus koinfeksi dapat terjadi karena adanya suatu daerah yang merupakan wilayah endemik dari beberapa virus (Nacif-Pimenta dkk, 2018).

Pemodelan matematika mengenai penyakit demam berdarah dan zika dapat digunakan untuk memahami dan mengendalikan penyebaran kedua penyakit tersebut. Bacani dkk. (2018) merumuskan dan menganalisis model matematika penyebaran demam berdarah dengan menggunakan sistem persamaan reaksi difusi. Carvalho dkk. (2019) mengembangkan model matematika penyebaran demam berdarah dengan melibatkan fase akuatik nyamuk dan menganalisis kontrol yang

optimal berupa pengurangan populasi nyamuk serta penggunaan vaksin. Hasan dkk. (2019) mengembangkan model matematika penyebaran zika dengan melibatkan suku difusi pada populasi manusia dan nyamuk. Aranda dkk. (2019) merumuskan dan menganalisis model matematika penyebaran zika di Kolombia dengan melibatkan mutasi dari virus zika.

Koinfeksi diantara demam berdarah dan zika merupakan masalah dan tantangan yang serius bagi kesehatan masyarakat di dunia (Estofolete dkk, 2018). Dengan adanya model matematika koinfeksi diantara demam berdarah dan zika, pencegahan dan antisipasi terhadap penyebaran penyakit demam berdarah dan zika dapat dilakukan dengan lebih baik. Bonyah dkk. (2019) menerapkan kontrol optimal pada model koinfeksi demam berdarah dan zika untuk mengendalikan kedua penyakit tersebut. Aldila dan Agustin (2018) merumuskan dan menganalisis model koinfeksi demam berdarah dan chikungunya pada populasi tertutup. Dontwi dkk. (2018) merumuskan dan menganalisis model koinfeksi zika dan malaria, serta Isea dan Lonngren (2016) mengembangkan model koinfeksi diantara zika, chikungunya, dan demam berdarah demi memahami dinamika penyebaran ketiga penyakit ini di waktu yang sama.

Berdasarkan uraian di atas, pengembangan model koinfeksi diantara demam berdarah dan zika dengan memperhatikan faktor lokasi penyebaran kedua penyakit tersebut masih belum pernah dibahas dan diteliti. Oleh sebab itu, pada penelitian ini tertarik untuk mengembangkan model koinfeksi diantara demam berdarah dan zika yang telah dikonstruksi oleh Bonyah dkk. (2019) dengan menambahkan suku difusi pada masing-masing sub populasi dengan menggunakan *Method of Lines* untuk menyelesaikan bagian suku difusinya. Pendekatan *Method of Lines* merupakan salah satu metode untuk menyelesaikan permasalahan persamaan diferensial parsial (PDP) dengan menggunakan metode beda hingga (Bijaksana dkk, 2018). Selanjutnya akan dibandingkan simulasi antara model koinfeksi demam berdarah dan zika tanpa suku difusi dengan model koinfeksi demam berdarah dan zika dengan adanya suku difusi.

1.2. Rumusan Masalah

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

1. Bagaimana analisis kestabilan titik setimbang dari model koinfeksi demam berdarah dan zika tanpa adanya suku difusi ?
2. Bagaimana pendekatan numerik pada model koinfeksi demam berdarah dan zika dengan adanya suku difusi ?
3. Bagaimana simulasi model koinfeksi demam berdarah dan zika tanpa suku difusi dan dengan suku difusi ?

1.3. Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini antara lain sebagai berikut :

1. Menganalisis kestabilan titik setimbang dari model koinfeksi demam berdarah dan zika tanpa adanya suku difusi.
2. Melakukan pendekatan numerik pada model koinfeksi demam berdarah dan zika dengan adanya suku difusi.
3. Melakukan simulasi model koinfeksi demam berdarah dan zika tanpa suku difusi dan dengan suku difusi.

1.4. Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini yaitu :

1. Mengetahui faktor-faktor penting dan pengaruh suatu lokasi terhadap penyebaran demam berdarah dan zika.
2. Mengetahui apakah suatu penyakit bersifat endemik atau tidak.
3. Dapat digunakan sebagai bahan referensi bagi pemerintah dalam melakukan antisipasi penyebaran demam berdarah dan zika di Indonesia.

1.5. Batasan Masalah

Berdasarkan rumusan masalah diatas, ruang lingkup pembahasan dibatas sebagai berikut :

1. Model dasar koinfeksi demam berdarah dan zika tanpa adanya suku difusi mengacu pada Bonyah dkk. (2019).
2. Metode yang digunakan untuk menyelesaikan bagian suku difusi pada model adalah *Method of Lines*.