

Model Matematika Untuk Koinfeksi Penyakit Demam Berdarah Dengue dan Chikungunya = A Mathematical Model of Dengue-Chikungunya Co-Infection in a Closed Population

Maya Ria Agustin, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20466567&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Penyakit demam berdarah dengue DBD telah menjadi salah satu masalah kesehatan utama di beberapa negara tropis dan subtropis sejak awal tahun 1900. Di sisi lain, menurut laporan WHO Fact Sheet 2017, chikungunya menjadi wabah utama pada tahun 1952 di Tanzania dan terus meningkat hingga saat ini di beberapa negara tropis dan subtropis. Kedua penyakit ini merupakan penyakit bawaan vektor vector-borne disease yang disebarkan oleh nyamuk yang sama, yaitu *Aedes aegypti* betina. Menurut laporan WHO, terdapat kemungkinan besar jika manusia dan nyamuk dapat terinfeksi oleh demam berdarah dengue dan chikungunya dalam waktu yang bersamaan. Pada penulisan skripsi ini, pendekatan model matematika akan digunakan untuk memahami penyebaran penyakit demam berdarah dengue dan chikungunya dalam populasi tertutup. Model ini dibangun menjadi persamaan diferensial biasa deterministik 9 dimensi. Titik equilibrium dan kestabilan lokalnya dianalisis secara analitik dan numerik. Basic reproduction number sebagai indikator endemik ditentukan oleh maksimum dari 3 sistem basic reproduction number berbeda, yaitu basic reproduction number untuk penyakit demam berdarah dengue, chikungunya, dan koinfeksi penyakit antara demam berdarah dengue dan chikungunya. Hasil yang diperoleh yaitu basic reproduction number untuk koinfeksi demam berdarah dengue dan chikungunya mendominasi basic reproduction number lainnya ketika bernilai lebih dari satu. Beberapa simulasi numerik juga diberikan untuk mengkonfirmasi hasil analitik ini.

<hr>

ABSTRACT

Dengue disease has been a major health problem in many tropical and sub tropical countries since the early of 1900. On the other hand, according to WHO Report in their 2017 fact sheet, Chikungunya has been detected in the first outbreak in 1952 in Tanzania and keep increasing until now in many tropical and sub tropical countries. These both diseases are a vector borne disease which spread by a same mosquito, i.e. female *Aedes aegypti*. According to WHO report, there is a big possibility that a human and mosquito might be infected by dengue and chikungunya in a same time. Here in this article, a mathematical model approach will be used to understand the spread of dengue and chikungunya in a closed population. A model is developed as a 9 dimensional deterministic ordinary differential equation. Equilibrium points and their local stability are analyzed analytically and numerically. We find that the basic reproduction number as the endemic indicator is given by the maximum of 3 different basic reproduction number of complete system, i.e basic reproduction number for dengue, chikungunya, and for the co infection between dengue and chikungunya. We find that basic reproduction number for the co infection sub system is dominating other basic reproduction number whenever it is larger than one. Some numerical simulation is given to confirm these analytical results.