

Model Penyebaran Demam Berdarah Dengue dengan Intervensi Bakteri Wolbachia = Dengue Spread Model with Wolbachia Bacteria Intervention

Devi Riyanti, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920532433&lokasi=lokal>

Abstrak

Demam Berdarah Dengue (DBD) adalah penyakit yang disebabkan oleh infeksi virus *dengue* melalui gigitan nyamuk betina *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* (Kementerian Kesehatan RI, 2022). Hingga saat ini, belum ditemukan obat antivirus yang dapat menghilangkan virus DBD secara sempurna. Di lain pihak, penggunaan bakteri *Wolbachia* telah menarik banyak perhatian sebagai alternatif solusi penanganan DBD (Li & Liu, 2021). Penelitian menemukan bahwa ketika nyamuk *Aedes aegypti* telah terinfeksi *Wolbachia*, bakteri yang ada dalam tubuh nyamuk dapat menghambat proses replikasi virus DBD pada nyamuk sehingga nyamuk memiliki kemungkinan yang kecil untuk menyebarkan virus ke manusia serta nyamuk tidak langsung terinfeksi apabila menghisap darah manusia dengan virus penyebab DBD (WMP, 2022). Pada skripsi ini, akan dibangun model penyebaran DBD dengan intervensi bakteri *Wolbachia*. Selanjutnya, dari model yang telah dibangun akan dilakukan kajian analitik yang meliputi analisis eksistensi serta kestabilan dari titik-titik keseimbangan dari model dan analisis nilai bilangan reproduksi dasar yang diperoleh (R_0). Lalu, akan dilakukan simulasi numerik yang meliputi analisis elastisitas setiap kompartemen di titik endemik, analisis elastisitas dan sensitivitas R_0 , analisis sensitivitas lokal sistem dinamik, serta simulasi *autonomous* dari model. Penelitian yang akan dilakukan ini diharapkan memberikan pemahaman baru mengenai pengaruh efek dari bakteri *Wolbachia* pada populasi nyamuk dalam pengendalian penyebaran penyakit DBD.

.....

Dengue is a disease caused by a viral infection of dengue through the bite of female *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* mosquitoes (Kementerian Kesehatan RI, 2022). Until now, no antivirus drugs have been found to eliminate the dengue virus perfectly. On the other hand, the use of *Wolbachia* bacteria has attracted a lot of attention as an alternative solution to the handling of dengue spread (Li & Liu, 2021). Study results found that when the *Aedes aegypti* mosquito was infected with *Wolbachia*, the bacteria present in its host's body can inhibit the replication process of the dengue virus in mosquitoes so that mosquitoes have a slight possibility of spreading the dengue virus to humans and mosquitoes are not directly infected when sucking human blood with the dengue virus that causes dengue (WMP, 2022). In this thesis, a model will be built on the spread of dengue with the intervention of *Wolbachia* bacteria. Furthermore, from that model has been built, an analytical study will be carried out which includes an analysis of the existence and stability of the equilibrium points of the model, also the analysis of the value of the basic reproduction number (R_0) obtained. Then, a numerical simulation will be carried out which includes elasticity analysis of every compartment on endemic equilibrium points, elasticity and sensitivity analysis on basic reproduction number (R_0), local sensitivity analysis on the dynamical system, and autonomous simulation of the model. This research that will be done is expected to provide a new understanding of the influence of the effects of the *Wolbachia* bacteria in mosquito

populations in controlling the spread of dengue.