



FORUM GURU BESAR
INSTITUT TEKNOLOGI BANDUNG



Orasi Ilmiah Guru Besar Institut Teknologi Bandung



TRANSFORMASI INFORMASI EPIDEMIOLOGI MELALUI PEMODELAN MATEMATIKA Dari Data ke Kebijakan

Profesor Nuning Nuraini

Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Institut Teknologi Bandung

Aula Barat ITB
16 November 2024

Orasi Ilmiah Guru Besar
Institut Teknologi Bandung

**TRANSFORMASI INFORMASI
EPIDEMIOLOGI MELALUI PEMODELAN
MATEMATIKA:
DARI DATA KE KEBIJAKAN**

Orasi Ilmiah Guru Besar
Institut Teknologi Bandung

**TRANSFORMASI INFORMASI
EPIDEMIOLOGI MELALUI PEMODELAN
MATEMATIKA:
DARI DATA KE KEBIJAKAN**

Prof. Nuning Nuraini

16 November 2024
Aula Barat ITB



Hak cipta © pada penulis dan dilindungi Undang-Undang

Hak penerbitan pada ITB Press

Dilarang memperbanyak sebagian atau seluruh bagian dari buku ini tanpa izin dari penerbit

Orasi Ilmiah Guru Besar Institut Teknologi Bandung:

***Transformasi Informasi Epidemiologi Melalui Pemodelan Matematika:
Dari Data ke Kebijakan***

Penulis : Prof. Nuning Nuraini

Reviewer : Prof. Sri Redjeki Pudjaprasetya

Editor Bahasa : Rina Lestari

Cetakan I : 2024

ISBN : 978-623-297-625-2 (PDF)

e-ISBN : 978-623-297-624-5

ITB PRESS

© Gedung STP ITB, Lantai 1,
Jl. Ganesa No. 15F Bandung 40132

+62 22 20469057

www.itbpress.id

office@itbpress.id

Anggota Ikapi No. 043/JBA/92
APPTI No. 005.062.1.10.2018

*"Jangan **takut** jatuh, karena yang tidak pernah memanjatlah yang tidak pernah jatuh. Jangan takut gagal, karena yang tidak pernah **gagal** hanyalah orang-orang yang tidak pernah melangkah."*

-Buya Hamka

PRAKATA

Alhamdulillah, puji syukur kami panjatkan ke hadirat Allah Swt. atas tersusunnya buku orasi ilmiah ini dengan judul ***Transformasi Informasi Epidemiologi Melalui Pemodelan Matematika: Dari Data ke Kebijakan***. Buku ini merangkum berbagai pengalaman penelitian dan kolaborasi yang dilakukan untuk mengembangkan model matematika yang dapat membantu memahami dinamika penyebaran penyakit menular, serta mendukung pengambilan keputusan yang berbasis ilmiah.

Buku ini tersusun atas dukungan dari berbagai pihak, Ketua FGB dan jajarannya, para kontributor yang merupakan mahasiswa Sarjana, Magister dan Doktor Matematika, para lulusan program Doktor, kolega-kolega dari bidang kesehatan masyarakat, lembaga pemerintah dan pemerintah daerah di mana hasil penelitian diterapkan.

Semoga buku ini dapat memberikan manfaat, tidak hanya bagi kalangan akademisi dan peneliti, tetapi juga bagi para pengambil kebijakan, praktisi kesehatan, dan masyarakat luas dalam upaya bersama mewujudkan kesehatan yang lebih baik.

Akhir kata, kami berharap buku ini dapat menginspirasi dan menjadi rujukan bagi penelitian lanjutan dalam pengembangan pemodelan matematika epidemiologi, serta memberikan dampak nyata dalam penyusunan kebijakan kesehatan yang lebih baik di masa depan.

Selamat membaca.

Bandung, 16 November 2024

Penulis

SINOPSIS

Buku orasi ilmiah ini merangkum perjalanan penulis selama kurang lebih 20 tahun berkecimpung dalam pemodelan matematika penyakit menular, yang dikenal sebagai matematika epidemiologi. Buku ini dibagi menjadi empat bagian utama. Pertama, pengenalan singkat tentang matematika epidemiologi. Kedua, model transmisi demam berdarah dengue (DBD) dan beberapa penyakit menular lainnya. Ketiga, model penyebaran COVID-19. Keempat, DBDKlim, sebuah aplikasi berbasis web yang digunakan sebagai sistem peringatan dini DBD, hasil kolaborasi penulis dengan tim multidisiplin yang melibatkan lembaga pemerintah seperti BMKG serta pihak lain (dinas kesehatan dan pemerintah daerah).

Model-model yang disajikan menyoroti pentingnya pemodelan matematika dalam memahami dan menangani berbagai aspek penyebaran penyakit, termasuk pandemi COVID-19 di Indonesia. Beberapa studi yang dijelaskan menggunakan dinamika data historis untuk memproyeksikan jumlah kasus di masa depan. Selain itu, dibahas juga dampak intervensi dan pencegahan terhadap penyebaran penyakit, seperti pentingnya distribusi vaksin yang tepat sasaran, termasuk penggunaan vaksin booster, terutama di daerah dengan tingkat kasus tinggi. Buku ini juga membahas model matematika untuk mengevaluasi efektivitas kebijakan publik, termasuk intervensi non-farmasi (NPI) seperti pembatasan sosial dan karantina, serta dampak mudik selama COVID-19.

Lebih lanjut, buku ini membahas peningkatan kasus penyakit pascapandemi, seperti Infeksi Saluran Pernapasan Atas (ISPA), dengan studi kasus di Jakarta. Metode yang melibatkan jaringan interaksi antar-individu dalam penyebaran penyakit juga dikembangkan dalam penelitian ini.

Secara keseluruhan, penelitian-penelitian yang dipaparkan dalam buku ini menekankan pentingnya kebijakan yang didasarkan pada data dan model matematika, agar keputusan yang diambil lebih tepat, efisien, dan terukur dalam mencegah wabah penyakit di masa depan.

DAFTAR ISI

PRAKATA.....	VII
SINOPSIS	IX
DAFTAR ISI.....	XI
DAFTAR GAMBAR	XIII
DAFTAR TABEL.....	XVII
1 MATEMATIKA EPIDEMIOLOGI	1
1.1 Mengapa Harus Matematika Epidemiologi?	2
1.2 Sejarah Singkat Matematika Epidemiologi	3
2 SEKILAS TENTANG MODEL KOMPARTEMEN.....	5
2.1 Pengembangan Model Kompartemen	6
3 PERKEMBANGAN MODEL PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE DAN LAINNYA	11
3.1 Model Transmisi Demam Berdarah Dengue (DBD)	12
3.2 Model Penyebaran Penyakit Campak	28
3.3 Penyebaran Penyakit Difteri.....	30
4 MODEL PENYEBARAN COVID-19.....	37
5 MODEL PENYEBARAN PENYAKIT SETELAH PANDEMI.....	53
5.1 Model Penyebaran ISPA di Jakarta dengan Menggunakan Pendekatan Hutan Epidemik	53
5.2 Model Komputasi Proses Epidemik pada Jaringan Sintesis Interaksi Manusia	66
6 DBKLIM	73
7 PENUTUP	77
8 UCAPAN TERIMA KASIH	79
DAFTAR PUSTAKA.....	83
CURRICULUM VITAE.....	89

DAFTAR GAMBAR

Gambar 3.1	(a) <i>Fitting</i> distribusi normal terhadap <i>logarithm</i> data DBD; (b) <i>cross-correlation</i> antara data DBD, curah hujan, dan kelembapan; (c) hasil <i>fitting</i> data DBD di Jakarta; (d) <i>contour plot</i> MSE terhadap <i>upper</i> dan <i>lower barrier</i>	13
Gambar 3.2	(a) Hasil <i>fitting climate-based</i> dengue model; (b) <i>cross-correlation</i> antara laju infeksi dan variabel meteorologi; (c) hubungan kasus DBD dengan curah hujan (d) prediksi kasus DBD.	15
Gambar 3.3	Data kasus DBD (merah) dan curah hujan (biru) Jawa Barat selama 40 minggu dari 1 Oktober 2019 sampai 1 Juli 2020.	16
Gambar 3.4	Rata-rata sebaran data DBD per 100.000 penduduk di 27 kabupaten/kota di Jawa Barat selama 40 minggu.	17
Gambar 3.5	Model Richards (biru) dan data kasus (titik-titik merah) di beberapa kabupaten/kota.	19
Gambar 3.6	Cuplikan gambaran titik panas di wilayah Jawa Barat pada periode minggu tertentu.	20
Gambar 3.7	(a) Hasil simulasi berdasarkan data aktual tahun 2014-2016, (b) Dinamika model-SEIR tereduksi tahun 2014-2016, (c) Dinamika model-SI untuk populasi nyamuk tahun 2014-2016, (d) Bilangan reproduksi efektif mingguan (Reff) dan laju infeksi (βh) tahun 2014-2016, (e) Korelasi silang antara laju infeksi (βh) dan sub-populasi terinfeksi (I) serta bilangan reproduksi efektif (Reff) dan sub-populasi terinfeksi (I).	22
Gambar 3.8	Diagram transmisi dari model struktur usia DBD Bandung.	24
Gambar 3.9	Simulasi model tereduksi yang bergantung pada waktu dengan struktur usia berdasarkan total data kasus dengue harian di Kota Bandung pada tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016.....	25

Gambar 3.10 Dinamika subpopulasi terinfeksi dari model struktur usia yang bergantung waktu dengan skenario vaksinasi pada kelompok usia anak-anak ($\eta = 0.01$) untuk tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016 26

Gambar 3.11 Dinamika subpopulasi terinfeksi dari model struktur usia yang bergantung waktu dengan skenario vaksinasi pada kelompok usia remaja ($\eta = 0.01$) untuk tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016..... 26

Gambar 3.12 Bilangan reproduksi efektif harian untuk skenario kelompok usia anak-anak tervaksinasi pada tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016..... 27

Gambar 3.13 Bilangan reproduksi efektif harian untuk skenario kelompok usia remaja tervaksinasi pada tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016. 27

Gambar 3.14 (a) *Oscillatory orbit*; (b) plot 3D dari *resnorm* terhadap laju infeksi dan *hospitalization*; (c) 95% interval kepercayaan dari model *Stochastic Differential Equation* (SDE); (d) dinamika sensitifitas kompartemen terinfeksi terhadap laju *hospitalization* dan kesembuhan alami. 30

Gambar 3.15 Data kasus difteri Jawa Barat 2021 - 2023 31

Gambar 3.16 Cakupan vaksinasi pertama (biru) dan *booster* (kuning) di Jawa Barat 2015 – 2022. 32

Gambar 3.17 Simulasi model untuk berbagai skenario vaksinasi..... 34

Gambar 3.18 Peta titik panas hasil perhitungan model untuk rata-rata per tahun dari 2021 sampai 2023..... 35

Gambar 4.1 Simulasi model Richards untuk kasus awal COVID-19 di Indonesia (a), estimasi parameter model dengan menggunakan data Korea Selatan yang diterapkan untuk kasus awal Indonesia. 38

Gambar 4.2 Prediksi evolusi wabah COVID-19 di Italia berdasarkan hasil pemodelan diskret SIR (7)-(9) untuk (a) kasus aktif; (b) sembuh; (c) meninggal. Area yang diarsir mewakili data resmi yang diambil dari repositori Johns Hopkins University Center for Systems Science and Engineering..... 40

Gambar 4.3 Estimasi angka reproduksi efektif menggunakan Metode 1 (garis putus-putus) dan Metode 2 (bintang).

	Garis-garis tersebut harus dibagi menjadi dua bagian setelah diberlakukannya <i>lockdown</i> nasional di Italia.	41
Gambar 4.4	Jaringan infeksi sekunder berdasarkan transmisi lokal di wilayah Jakarta–Depok (kiri) dan Batam (kanan).	42
Gambar 4.5	Simulasi proyeksi kasus untuk 90 hari ke depan di Uni Emirat Arab.....	43
Gambar 4.6	Simulasi vaksin kelompok usia muda, usia aktif, dan usia lanjut.	44
Gambar 4.7	Jumlah kasus aktif dengan beberapa skenario penyaluran vaksin yang diberikan (a) vaksin yang sangat kurang—97.080 dosis dalam empat bulan pertama, (b) 300.000 dosis dalam satu tahun, dan (c) vaksin optimal yang tersedia—33.000.000 dosis dalam satu tahun.	46
Gambar 4.8	(a–c) Distribusi posterior untuk parameter yang digunakan pada model (garis merah) (d) Perbandingan antara data (kasus baru harian dalam titik-titik hitam) COVID-19 di kampus ITB dan model dengan interval prediksi 90%.	47
Gambar 4.9	Simulasi tiga skema pembukaan kembali sekolah dengan kemanjuran (<i>efficacy</i>) vaksin yang berbeda.....	48
Gambar 4.10	Perbandingan data aktual dan model yang diestimasi di wilayah Jaakarta – Bandung- <i>raya</i> pada saat mudik tahun 2021.	49
Gambar 4.11	Perbandingan data actual (merah) dan model (biru) di Jakarta – Bogor – Depok – Tangerang - Bekasi saat mudik tahun 2021.....	50
Gambar 4.12	Proyeksi kasus aktif COVID-19 dari awal Agustus 2022 hingga akhir Juli 2023. Proyeksi tersebut sesuai dengan kasus aktif harian aktual (garis hitam, Januari 2021 hingga Juli 2022).	52
Gambar 5.1	Peta kecamatan pada Provinsi Daerah Khusus Jakarta.	57
Gambar 5.2	Wabah ISPA teridentifikasi berlangsung secara musiman berdasarkan <i>heat map</i>	58
Gambar 5.3	Penentuan waktu <i>onset</i> wabah di enam wilayah pada Periode 2.....	60

Gambar 5.4	Hasil hutan epidemik untuk Periode 2 dengan kombinasi bobot 2.	62
Gambar 5.5	Perbandingan hasil hutan epidemik antara aspek temporal pada (a) dan aspek prevalensi pada (b).....	62
Gambar 5.6	Hasil hutan epidemik untuk semua periode.	64
Gambar 5.7	Hasil hutan epidemik hasil simulasi untuk semua periode.	65
Gambar 5.8	Ilustrasi jaringan acak sintesis interaksi manusia. Verteks dengan warna yang lebih pekat mengindikasikan verteks yang memiliki derajat tinggi.	67
Gambar 5.9	Jumlah orang yang diperbolehkan berada pada masing-masing luas ruangan untuk skenario tanpa penerapan tindakan non-farmakologis.....	68
Gambar 5.10	Jumlah orang yang diperbolehkan berada pada masing-masing luas ruangan untuk skenario yang menerapkan tindakan non-farmakologis.....	69
Gambar 5.11	Dinamika proses epidemik dengan tiga varian pada jaringan sintesis interaksi manusia untuk skenario 1 dengan kasus laju infeksi berbeda untuk masing-masing varian. (a) Evolusi waktu semua kompartemen dengan selang kepercayaan 95%, (b) plot rata-rata 100 sampel untuk masing-masing varian, (c) jumlah total infeksi dari semua varian, (d) perbandingan antara jumlah tetangga yang terinfeksi dengan derajat masing-masing titik.	71
Gambar 5.12	(a) Dinamika proses epidemik skenario 2 dengan mengarakterisasi hub dengan derajat minimal 10, (b) rata-rata dari 100 plot infeksi (atas) dan jumlah total infeksi untuk kedua proses epidemik (bawah)	72
Gambar 6.1	Profil singkat mengenai layanan DBDKLIM	73
Gambar 6.2	Implementasi DBDKLIM Bali	74

DAFTAR TABEL

Tabel 5.1	Delapan kombinasi bobot W_s , W_t , dan W_p	61
Tabel 5.2	Kombinasi bobot terpilih untuk perhitungan SoL pada setiap periode	63
Tabel 5.3	Karakteristik hutan epidemik yang terbentuk.	63
Tabel 5.4	Karakteristik hutan epidemik yang terbentuk dari simulasi	65

1 MATEMATIKA EPIDEMIOLOGI

Brauer (2017) menyatakan bahwa penyakit menular menjadi salah satu bagian penting dalam sejarah manusia. Sejak awal sejarah, penyakit menular sudah menyerang populasi manusia, bahkan menyebabkan tingkat kematian yang tinggi. Dampak yang ditimbulkan oleh kematian akibat suatu penyakit sangat besar terhadap rata-rata usia harapan hidup dan ekonomi negara, seperti epidemi AIDS yang terjadi di Afrika (Brauer, 2019).

Dinamika dari penyebaran penyakit menular dapat terjadi di populasi, mungkin saja terjadi penurunan tingkat keparahan dalam transmisi penyakit karena tingkat kekebalan populasi yang meningkat atau muncul kembali beberapa tahun kemudian. *The Black Deaths* (wabah pes) menyebar dari Asia ke seluruh Eropa dalam beberapa gelombang selama abad ke-14, dimulai dari tahun 1346. Estimasi dampak dari wabah tersebut adalah kematian hingga sepertiga populasi Eropa antara tahun 1346 dan 1350. Wabah ini terus muncul kembali di Eropa selama lebih dari 300 tahun dengan kasus paling terkenal terjadi di London pada 1665-1666. Kemudian, secara bertahap wabah ini menghilang dari Eropa (Brauer, 2017).

Pada negara-negara berkembang dengan sistem kesehatan yang buruk, terdapat penyakit yang menjadi endemik dalam populasi bahkan menimbulkan banyak kematian. Setiap tahun, jutaan orang meninggal akibat campak, infeksi saluran pernapasan, diare, dan penyakit lain yang sebenarnya mudah diobati dan tidak dianggap terlalu berbahaya di dunia barat. Penyakit-penyakit seperti malaria, tipus, kolera, *schistosomiasis*, dan penyakit tidur menjadi endemik di banyak negara. WHO mengestimasi bahwa pada tahun 2011 terdapat 1.4 juta akibat tuberkulosis, 1.2 juta akibat HIV/AIDS, dan 627 ribu akibat malaria (sumber lain mengestimasi lebih dari 1 juta kematian akibat malaria (Brauer, 2017).

Upaya-upaya sudah dilakukan untuk mengatasi penyebaran penyakit menular, seperti vaksinasi yang dilakukan sebagai salah satu upaya pencegahan dan pengobatan bagi pasien yang memiliki gejala. Untuk pasien penderita penyakit yang belum diketahui pengobatannya, upaya yang mungkin adalah dengan melakukan isolasi atau karantina untuk meminimalkan risiko penularan kepada orang lain. Dari berbagai skenario yang ada, tidak mungkin jika melakukan seluruh eksperimen, kemudian baru

melakukan perbandingan untuk mengetahui pendekatan mana yang tepat dalam strategi mengatasi penyebaran penyakit (Brauer, 2009).

Persoalan di atas dapat menjadi tantangan sekaligus masalah, terutama bagi suatu negara yang memiliki keterbatasan biaya dalam penanganan masalah penyakit menular. Maka dari itu, perlu dilakukan pemilihan strategi yang efektif dan efisien dalam penanganan masalah penyakit menular ini.

Menurut Brauer (2009), satu-satunya cara untuk mencoba membandingkan efektivitas beberapa upaya atau pendekatan dalam penanganan masalah penyebaran penyakit menular adalah dengan merumuskan model matematika. Tujuan dari pemodelan ini adalah memperoleh wawasan terkait dengan strategi yang efektif guna menyusun kebijakan dalam penanganan penyebaran penyakit menular. Selain sebagai alat untuk dapat memprediksi strategi yang tepat, model matematika mampu memberikan pemahaman terkait bagaimana transmisi penyakit dan prediksi perkembangan penyakit di dalam suatu populasi.

1.1 Mengapa Harus Matematika Epidemiologi?

Model matematika adalah representasi masalah secara matematis yang berlandaskan pada hipotesis yang dibangun dan solusi dari model tersebut memberikan kesimpulan yang dapat dibandingkan dengan hasil eksperimen (Brauer, 2009). Langkah awal yang penting dalam pemodelan matematika adalah menemukan topik masalah yang ingin dijawab dari fenomena yang sedang diamati. Model adalah upaya untuk menjawab pertanyaan yang dimulai dengan pertanyaan “mengapa” (Brauer, 2009). Dengan mengetahui alasan di balik mengapa harus memodelkan dari masalah yang telah ditentukan, dapat membantu dalam memahami apa yang sebenarnya akan dicoba untuk diselesaikan dan alur kerja pun dapat lebih terstruktur untuk menemukan solusi yang diharapkan.

Dalam model matematika, tidak semua faktor dilibatkan karena dapat membuat model menjadi kompleks. Model yang terlalu kompleks dapat mempersulit penemuan solusi baik secara analitik maupun numerik, atau bahkan dapat berdampak juga pada kesulitan interpretasi. Pemodelan matematika berusaha untuk memasukkan faktor-faktor yang berpengaruh

signifikan terhadap suatu persoalan dan merumuskan beberapa asumsi-asumsi guna menangkap fenomena utama dari persoalan.

Brauer (2009) memberikan contoh pemodelan yang dilakukan oleh Kermack dan McKendrick. Mereka mencoba menjelaskan mengapa epidemik berhasil melewati populasi tanpa memengaruhi keseluruhan populasi. Asumsi yang digunakan pada model matematika tersebut adalah *mass-action incidence* untuk menggambarkan penularan infeksi, periode infektivitas, dan kekebalan terhadap infeksi ulang penyakit. Formulasi yang digunakan untuk memodelkan masalah tersebut adalah dengan menggunakan persamaan diferensial biasa untuk jumlah orang yang *susceptible* dan jumlah orang yang terinfeksi. Pada akhirnya, model tersebut mampu menjawab masalah baik secara kualitatif maupun kuantitatif. Hasil dari model tersebut adalah berupa *basic reproduction number*. Dalam hal ini, jika *basic reproduction number* kurang dari satu, jumlah orang yang terinfeksi cenderung menuju nol. Namun, jika *basic reproduction number* lebih dari satu, jumlah orang yang terinfeksi akan meningkat di awal kemudian menuju nol, sedangkan jumlah orang yang *susceptible* akan menurun, tetapi tidak pernah mencapai nol. Wawasan yang diperoleh dari model ini adalah prediksi apakah wabah penyakit yang sedang terjadi akan menjadi epidemi atau akan mereda.

Terdapat perbedaan sudut pandang antara matematikawan dan ahli epidemiologi. Menurut Brauer (2009), dari sisi matematikawan memiliki kecenderungan untuk membuat model sederhana yang mampu menangkap sifat-sifat penting dari suatu penyakit, tetapi dari pihak ahli epidemiologi menginginkan model yang sangat rinci. Model yang rinci umumnya sulit untuk diselesaikan secara analitik yang dapat berakibat pula pada interpretasi yang terlalu kompleks. Suatu model penyakit seharusnya memiliki tingkat kompleksitas yang sesuai dengan jumlah informasi yang diketahui untuk hasil yang diharapkan sehingga model tersebut dapat berguna.

1.2 Sejarah Singkat Matematika Epidemiologi

Berdasarkan Brauer (2017), studi mengenai penyakit menular dimulai oleh karya John Graunt (1620-1674) pada bukunya yang berjudul "*Natural and Political Observations made upon the Bills of Mortality*". Buku tersebut dibuat berdasarkan catatan mingguan tentang jumlah dan penyebab kematian di London. John Graunt menganalisis penyebab dari berbagai kematian yang

terjadi dan mengembangkan metode untuk memperkirakan risiko relatif kematian akibat berbagai penyakit.

Dalam sejarah epidemiologi matematika, dilansir dari Brauer (2017) dikatakan bahwa model pertama yang diperkenalkan adalah model yang dibuat oleh Daniel Bernoulli (1700-1782) tentang inokulasi terhadap cacar. Pada abad ke-18, cacar merupakan penyakit endemik. Pendekatan yang Bernoulli lakukan adalah dengan menghitung peningkatan taraf hidup jika cacar dapat dihilangkan dari penyebab kematian. Pendekatan tersebut dilakukan untuk menjawab pertanyaan apakah pemberian variolasi dapat menguntungkan.

Selain itu, John Snow melakukan studi terhadap pola temporal dan spasial kasus kolera dalam epidemi tahun 1855 di London. John Snow berhasil menemukan bahwa pompa air di Broad Street merupakan sumber infeksi. Tokoh lainnya, William Farr pada 1840 mempelajari laporan statistik untuk menemukan hal yang mendasari terkait naik turunnya epidemi dan William Budd pada tahun 1873 mampu memahami tentang penyebaran virus (Brauer, 2017).

2 SEKILAS TENTANG MODEL KOMPARTEMEN

Untuk mampu mendeskripsikan model matematika penyebaran penyakit menular, perlu dilakukan beberapa asumsi mengenai cara penyebaran infeksi. Dari sudut pandang modern, penyakit menyebar akibat terjadinya kontak dengan virus atau bakteri (Brauer, 2017).

Hal yang menarik dalam sejarah pemodelan adalah pendekatan epidemiologi berbasis model kompartemen bukan dilakukan oleh ahli matematika, tetapi oleh orang kesehatan masyarakat, yaitu Sir R.A. Ross, W.H. Hamer, A.G. McKendrick, dan W.O. Kermack antara tahun 1900 dan 1935 (Brauer, 2017). Hamer (dalam Brauer, 2017: 114) berpendapat bahwa penyebaran infeksi seharusnya bergantung pada jumlah orang yang rentan (*susceptible*) dan jumlah orang yang terinfeksi. Ia memberikan gagasan terkait hukum aksi massa untuk menentukan laju infeksi dan gagasan tersebut menjadi dasar dalam model kompartemen.

Berdasarkan Brauer (2017), secara umum diyakini bahwa selama nyamuk masih ada dalam suatu populasi, malaria tidak dapat diberantas. Namun, Ross berhasil membawakan model kompartemen sederhana yang melibatkan nyamuk dan manusia, serta menunjukkan bahwa pengurangan populasi nyamuk di bawah titik kritis sudah cukup. Pekerjaan yang dilakukan oleh Ross terkait dinamika penularan malaria antara nyamuk dan manusia dianugerahi Hadiah Nobel Kedua dalam bidang Kedokteran pada tahun 1902. Untuk pertama kalinya konsep angka reproduksi dasar diperkenalkan, dan telah menjadi gagasan sentral dalam epidemiologi matematika sejak saat itu.

Dikutip dari Brauer (2017), berikut adalah formulasi model epidemik dari Kermack-McKendrick pada 1927

$$\begin{aligned}v(t) &= -x'(t) \\x'(t) &= -x(t) \left[\int_0^t A(s)v(t-s)ds + A(t)y_0 \right] \\z'(t) &= \int_0^t C(s)v(t-s)ds + C(t)y_0 \\y(t) &= \int_0^t B(s)v(t-s)ds + B(t)y_0\end{aligned}$$

Dengan $x(t)$ adalah jumlah individu yang rentan, $y(t)$ adalah jumlah individu yang terinfeksi, dan $z(t)$ adalah jumlah individu yang sembuh, $\varphi(s)$ adalah laju penyembuhan ketika usia infeksi adalah s , $\psi(s)$ adalah laju penyembuhan pada usia infeksi, dan

$$B(s) = e^{-\int_0^s \psi(s) ds}, A(s) = \varphi(s)B(s)$$

Diasumsikan bahwa tidak ada kematian akibat penyakit sehingga ukuran populasi konstan.

Model epidemi Kermack-McKendrick sederhana yang dikenal hingga sekarang adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} S' &= -\frac{aSI}{N} \\ I' &= \frac{aSI}{N} - \gamma I \end{aligned}$$

2.1 Pengembangan Model Kompartemen

Pemodelan matematika biasanya dirancang untuk melibatkan faktor yang hanya memiliki pengaruh signifikan terhadap suatu masalah untuk menyoroiti kualitatif umum. Model yang rinci umumnya sulit atau bahkan tidak mungkin diselesaikan secara analitis, meskipun nilai strategisnya mungkin tinggi (Brauer, 2017).

Dalam model penularan penyakit berbasis model kompartemen, populasi yang diteliti dibagi menjadi beberapa kompartemen. Misalkan, pada model SIR, populasi yang ditinjau sebanyak tiga kelas, yaitu S, I, dan R dengan $S(t)$ adalah jumlah individu yang rentan terhadap penyakit, artinya belum (atau tidak) terinfeksi pada waktu t , $I(t)$ adalah jumlah individu yang terinfeksi yang diasumsikan dapat menularkan dan menyebarkan penyakit melalui kontak dengan individu yang rentan, dan $R(t)$ merupakan jumlah individu yang telah sembuh dari infeksi dan dianggap tidak dapat terinfeksi lagi atau menyebarkan infeksi (Brauer, 2017).

Namun, pada keadaan yang lebih realistis, karakteristik individu untuk tiap penyakit dapat berbeda-beda. Menurut Braurer (2017), banyak penyakit yang membuat individu terinfeksi dapat kembali menjadi rentan setelah sembuh. Hal tersebut dapat terjadi akibat dari penyakit yang tidak

memberikan kekebalan terhadap infeksi ulang. Maka dari itu, model SIS yang menggambarkan situasi di mana penyakit tidak memberikan kekebalan terhadap infeksi ulang lebih tepat digunakan. Model semacam ini cocok digunakan untuk sebagian besar penyakit yang ditularkan oleh bakteri atau cacing, serta sebagian besar penyakit menular seksual, seperti gonore. Di samping itu, model SIR digunakan mendeskripsikan penyakit yang memberikan kekebalan terhadap infeksi ulang. Model ini tetap digunakan untuk penyakit yang disebabkan oleh virus. Beberapa perkembangan dari model berbasis kompartemen, di antaranya adalah model SEIR dan SEIS yang menambahkan periode eksposur antara terinfeksi dan menjadi infeksius. Karakteristik penyakit dan bagaimana penyakit ditularkan mesti diperhatikan dalam mengonstruksi model kompartemen sehingga dapat diperoleh hasil yang lebih realistis dalam menangkap fenomena yang sedang terjadi.

Tantangan model epidemi deterministik saat ini dan pengembangan yang dapat dilakukan

Dilansir dari Roberts, et.al. (2015), berikut adalah beberapa tantangan yang dihadapi oleh para peneliti dalam mengimplementasikan model epidemik deterministik.

1. Memahami ekuilibrium endemik

Ekuilibrium endemik merupakan kondisi keseimbangan antara penularan infeksi dan penambahan *susceptible*, baik karena hilangnya kekebalan atau pergantian demografis. Dengan memperkenalkan angka reproduksi efektif (R_{eff}) sebagai jumlah infeksi baru akibat dari individu yang terinfeksi, ekuilibrium endemik dapat diartikan sebagai kondisi di mana R_{eff} bernilai 1.

Aspek yang menjadi tantangan bagi para peneliti adalah pemahaman perubahan populasi *host* akibat dari hilangnya kekebalan. Maka dari itu, perlu dilakukan penelitian untuk mempelajari hal ini baik dari konsep biologi dasarnya maupun konsekuensi dinamik sebagai efek yang dihasilkan. Selain itu, tantangan yang dihadapi adalah untuk melakukan pemeriksaan dan pembaruan persamaan model serta mengembangkan pemahaman terkait hubungan antara R_{eff} dan R_0 .

2. **Menentukan kestabilan ekuilibrium endemik**

Dalam menentukan gangguan linier beramplitudo kecil di sekitar titik kesetimbangan biasanya cukup mudah, tetapi persamaan model deterministik sangat kompleks untuk mendapatkan solusi stabilitas yang lebih general, terutama model yang melibatkan struktur usia dan dinamika populasi. Tantangan untuk para peneliti adalah mencari paradigma yang lebih general terkait dengan kestabilan ekuilibrium endemik.

3. **Memodelkan sistem multi-strain**

Saat ini, model epidemiologi hanya menggunakan dua pendekatan umum dalam memahami keanekaragaman strain, yaitu *the quasi-species model* dan *the competitive exclusion principle*. Tentunya model tersebut sangat terbatas dalam menangkap kompleksitas yang sebenarnya terjadi. Persaingan antar-strain mungkin saja dapat terjadi baik secara langsung di dalam *host* maupun secara tidak langsung, yaitu dalam memperebutkan *host* yang rentan. Oleh karena itu, perlu dilakukan pengembangan model untuk mengakomodasi keberagaman sehingga akan membantu dalam memprediksi atau mengelola penyakit yang melibatkan banyak strain dengan lebih baik.

4. **Memodelkan infektivitas yang berubah seiring waktu**

Sebagian besar model deterministik yang biasa digunakan dalam di bidang kesehatan adalah model kompartemen. Model ini melibatkan laju transisi konstan antarkompartemen sehingga *sojourn time* (waktu yang digunakan oleh objek atau individu pada satu keadaan sebelum pindah ke keadaan lain) dalam kompartemen berdistribusi Eksponensial (atau distribusi Erlang pada kasus kompartemen sekuensial yang identik). Model ini menggunakan persamaan diferensial biasa sehingga memiliki keuntungan dalam pemanfaatan teori sistem dinamik dan metode numerik yang telah berkembang dengan baik dan tersedia. Namun, kelemahan dari model ini adalah mengurangi generalitas dalam profil infektivitas yang lebih realistis.

5. **Memodelkan superinfeksi**

Superinfeksi terjadi ketika *host* yang terinfeksi belum sembuh, tetapi sudah terinfeksi kembali oleh strain heterolog dari patogen yang sama. Sebagian besar model mikroparasit tidak mempertimbangkan

kemungkinan bahwa *host* mungkin terinfeksi untuk kedua kalinya sebelum sembuh. Model superinfeksi ini penting terutama dalam kasus infeksi HIV atau TB. Maka dari itu, pemodelan superinfeksi menjadi suatu tantangan untuk membuat fenomena kasus lebih realistis.

6. **Membangun model eksplisit spasial realistis**

Model jaringan digunakan untuk merepresentasikan kontak atau interaksi yang terjadi di ruang sosial dengan beberapa properti seperti, distribusi derajat, transitivitas, dan koefisien pengelompokan. Namun, properti-properti ini belum dapat menentukan seberapa baik pendekatan antarjaringan. Sampai saat ini, belum ada metrik yang memenuhi fungsi yang didefinisikan. Model eksplisit spasial yang menghubungkan antara model jaringan besar dengan ruang kontinu dapat memberikan wawasan lebih mendalam terkait penyebaran penyakit dan keberlangsungan epidemi. Model eksplisit spasial menyoroti penggunaan “*typical*” dalam pendefinisian “ R_0 ”. Sebagai contoh, jika memodelkan penyakit menular yang sebelumnya tidak ada di suatu wilayah, kasus primer lebih mungkin terjadi di “pintu masuk”. Maka dari itu, diperlukan metodologi untuk menentukan *threshold* yang sesuai antar-*node* pada jaringan.

7. **Eksplorasi interaksi dengan penyakit tidak menular**

Hubungan antara penyakit menular dan penyakit tidak menular tidak dapat dipisahkan. Beberapa infeksi diketahui dapat meningkatkan risiko terjadinya kanker atau penyakit tidak menular lainnya. Salah satu contohnya adalah infeksi human papillomavirus dengan kanker serviks. Maka dari itu, untuk memahami dan mengevaluasi peran dari “agen” penyakit menular dalam perkembangan penyakit tidak menular, diperlukan model matematis baru yang dapat memodelkan interaksi antara *host* dengan patogen.

8. **Keterbatasan model deterministik**

Model epidemiologi secara inheren bersifat stokastik pada tingkat individu. Keterbatasan dari model deterministik adalah tidak mampu menangkap fenomena acak yang mungkin terjadi. Model deterministik dapat akurat untuk populasi yang tak hingga, tetapi pada populasi yang lebih kecil atau dalam situasi yang melibatkan banyak variasi acak, model stokastik mungkin dapat memberikan hasil yang lebih akurat. Maka dari itu, diperlukan pemahaman yang lebih baik tentang dinamika

epidemiologi untuk memperluas hasil model deterministik ke situasi yang lebih kompleks dengan mempertimbangkan efek stokastik.

3 PERKEMBANGAN MODEL PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE DAN LAINNYA

Sejak tahun 2003 hingga sekarang, penulis telah melakukan penelitian terkait pemodelan penyebaran berbagai penyakit. Pada periode 2003 hingga 2019, penelitian difokuskan pada eksplorasi masalah, di mana penulis dan tim peneliti melakukan berbagai riset untuk mengungkapkan wawasan yang muncul dari hasil analisis model dan simulasi spesifik pada interval parameter model tertentu. Parameter ini dapat berupa hasil kuantitatif dari fenomena penyebaran penyakit, atau estimasi yang diambil dari data yang tersedia secara terbuka di situs resmi instansi kesehatan masyarakat, baik dalam maupun luar negeri.

Namun, sejak tahun 2020 hingga sekarang, penelitian model matematika epidemiologi berkembang pesat untuk mengakomodasi permasalahan yang muncul di bidang kesehatan masyarakat. Perkembangan ini meningkatkan nilai penelitian yang lebih bersifat aplikasi dan multidisiplin, dengan pendekatan pada masalah nyata yang memerlukan saran atau solusi ilmiah.

Model-model yang dibahas berfokus pada penelitian yang lebih berbasis matematika dari sisi analisis model, baik analisis dinamik maupun inovasi melalui pengembangan dan penggabungan berbagai metode, seperti sistem persamaan diferensial, jaringan kompleks, stokastik, pembelajaran mesin, dan lainnya. Hasil penelitian ini lebih banyak dipublikasikan dalam jurnal bereputasi yang terindeks.

Pada bab ini, pembahasan dibagi menjadi dua subbab: model demam berdarah dengue dan model lainnya. Pemodelan penyakit demam berdarah dengue menjadi salah satu fokus utama riset penulis. Beberapa hasil publikasi terkait demam berdarah akan disarikan dalam bab ini. Publikasi dimulai dengan pembahasan model transmisi penyakit DBD dalam populasi (N. Nuraini et al, 2007), transmisi dalam tubuh (N. Nuraini et al, 2009, M. Kallista & N. Nuraini, 2018), strategi vaksinasi (A.K Supriatna et al, 2010), pengaruh iklim (P.S Putra & N. Nuraini, 2017, I.S. Fauzi et al, 2019, M Fakhrudin et al, 2019), mobilitas (H. Widayani et al, 2020), koeksistensi dengan penyakit lain (H. Fahlana et al, 2021, M. Zevika et al, 2023), serta beberapa hasil lainnya yang akan dijelaskan lebih lanjut dalam subbab 2.1. Subbab 2.2 akan membahas model transmisi penyakit lainnya.

3.1 Model Transmisi Demam Berdarah Dengue (DBD)

Dirujuk dari makalah berjudul *Assessing the interplay between dengue incidence and weather in Jakarta via a clustering integrated multiple regression model*, yang ditulis oleh M. Fakhruddin, P. S. Putra, K. P. Wijaya, A. Sopaheluwakan, R. Satyaningsih, K. E. Komalasari, Mamenun, Sumiati, S. W. Indratno, N. Nuraini, T. Götz, E. Soewono dan terbit pada jurnal *Ecological Complexity*, 39 (2019): 100768. Menceritakan tentang model transmisi demam berdarah dengan memperhatikan faktor iklim dan menjadi dasar inisiasi dan inspirasi pengembangan model Sistem Deteksi Dini Demam Berdarah Dengue (DBD) yang berjalan sejak tahun 2018 sampai sekarang di bawah operasional BMKG Pusat Jakarta. Ringkasan isi dari makalah tersebut adalah sebagai berikut.

Deskripsi Masalah:

Demam berdarah merupakan penyakit yang ditularkan melalui nyamuk seperti *Aedes aegypti*. Karenanya penyakit ini sangat dipengaruhi oleh faktor iklim seperti curah hujan, kelembaban, dan suhu. Jakarta, dengan iklim tropisnya, sering mengalami wabah DBD sehingga prediksi kasus DBD ini menjadi tantangan penting bagi otoritas kesehatan masyarakat. Masalahnya terletak pada kurangnya metode yang dapat diandalkan untuk memperkirakan kejadian DBD menggunakan pola cuaca. Model yang ada sering kali mengalami kesulitan dengan kompleksitas interaksi antara berbagai variabel meteorologi dan sifat penularan demam berdarah. Artikel ini menginvestigasi korelasi antara faktor meteorologi dan kasus demam berdarah dengue (DBD) di Jakarta, Indonesia. Studi ini bertujuan untuk memberikan model peramalan kasus DBD berdasarkan data cuaca.

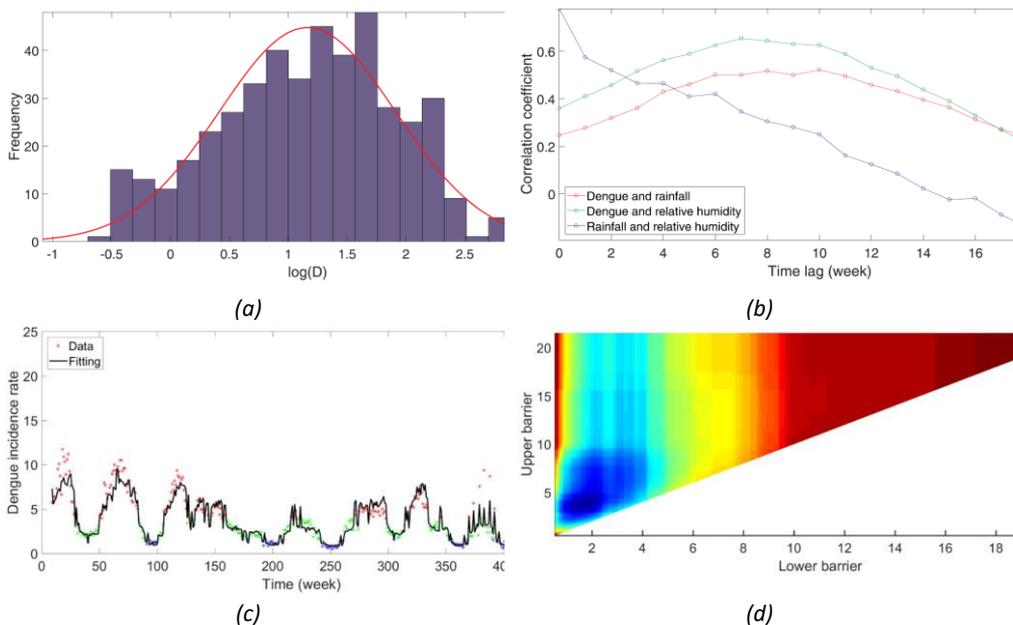
Metode:

Studi ini menggunakan pendekatan yang menggabungkan teknik pengelompokan (*clustering*) dengan model regresi berganda. Data yang digunakan meliputi data kasus DBD (Gambar 3.1 (a)) dan data cuaca (curah hujan dan kelembapan) mingguan dari tahun 2008 hingga 2016 di Jakarta. *Clustering* pertama kali diterapkan untuk mengelompokkan data ke dalam kategori yang berbeda, yang mewakili insiden DBD rendah, sedang, dan tinggi. Hal ini membantu menjelaskan hubungan antara kondisi cuaca dan penularan demam berdarah.

Model regresi berganda kemudian diintegrasikan dalam setiap kluster untuk memprediksi insiden DBD berdasarkan variabel meteorologi seperti curah hujan dan kelembapan. Untuk mengoptimalkan proses pengelompokan dan lebih menyempurnakan akurasi prediktif, studi ini menerapkan metode *Particle Swarm Optimization* (PSO) sebagai algoritma heuristik yang secara berulang digunakan untuk memperbaiki batas antar kluster, seperti pada Gambar 3.1 (d).

Hasil dan pembahasan:

Temuan ini mengungkapkan bahwa model regresi berganda terintegrasi *clustering* secara signifikan meningkatkan akurasi prediksi wabah DBD dibandingkan dengan model regresi tradisional. Penggunaan *clustering* memungkinkan pembedaan pola pengaruh cuaca terhadap kasus sehingga model menjadi lebih sensitif terhadap fluktuasi pola cuaca. Hasil fitting pendekatan ini disajikan pada Gambar 3.1 (c). Secara khusus, hasil penelitian menunjukkan bahwa pengelompokan tertentu memiliki korelasi yang lebih kuat dengan kejadian demam berdarah dalam kondisi cuaca tertentu. Hal ini menunjukkan bahwa model tersebut dapat membantu memprediksi wabah di masa mendatang dengan presisi yang lebih baik.



Gambar 3.1 (a) *Fitting* distribusi normal terhadap *logarithm* data DBD; (b) *cross-correlation* antara data DBD, curah hujan, dan kelembapan; (c) hasil *fitting* data DBD di Jakarta; (d) *contour plot* MSE terhadap *upper* dan *lower barrier*.

Selain itu, analisis korelasi silang mendukung gagasan bahwa curah hujan dan suhu merupakan indikator penting dalam penyebaran wabah DBD, di mana curah hujan memiliki efek tertunda sekitar dua bulan pada kejadian demam berdarah (Gambar 3.1 (b)). Model yang dioptimalkan mampu memprediksi kasus DBD beberapa minggu kedepan sehingga masih menyediakan waktu tunggu yang penting untuk intervensi kesehatan masyarakat. Studi ini menyimpulkan bahwa mengintegrasikan metode *clustering* dengan model regresi memberikan pendekatan yang lebih kuat untuk memprediksi kasus DBD di Jakarta. Model ini menawarkan alat atau metode yang menjanjikan bagi otoritas kesehatan masyarakat untuk upaya intervensi berdasarkan data iklim.

Makalah berikutnya masih tentang DBD dan iklim, namun membahas studi kasus di Semarang, dengan judul ***Climate-based dengue model in Semarang, Indonesia: Predictions and descriptive analysis*** yang ditulis oleh N. Nuraini, I.S. Fauzi, M. Fakhruddin, A. Sopaheluwakan, E. Soewono., dan terbit pada jurnal *Infectious Disease Modelling*, 6 (2021): 598 – 611. Rangkuman paper tersebut disajikan pada penjelasan berikut.

Deskripsi Masalah:

Demam berdarah dengue (DBD) adalah penyakit yang diduga kuat dipengaruhi oleh iklim. Fluktuasi pola cuaca memainkan peran penting pada jumlah DBD. Oleh karena itu, muncul tantangan dalam memprediksi wabah DBD secara akurat menggunakan data iklim. Hal ini dapat membantu otoritas kesehatan masyarakat dalam mengendalikan penyebaran penyakit melalui intervensi tepat waktu dan tindakan pencegahan. Studi ini menguraikan dampak signifikan faktor iklim seperti suhu, kelembapan, dan curah hujan terhadap dinamika penyebaran virus dengue serta prediksinya berbasis faktor iklim.

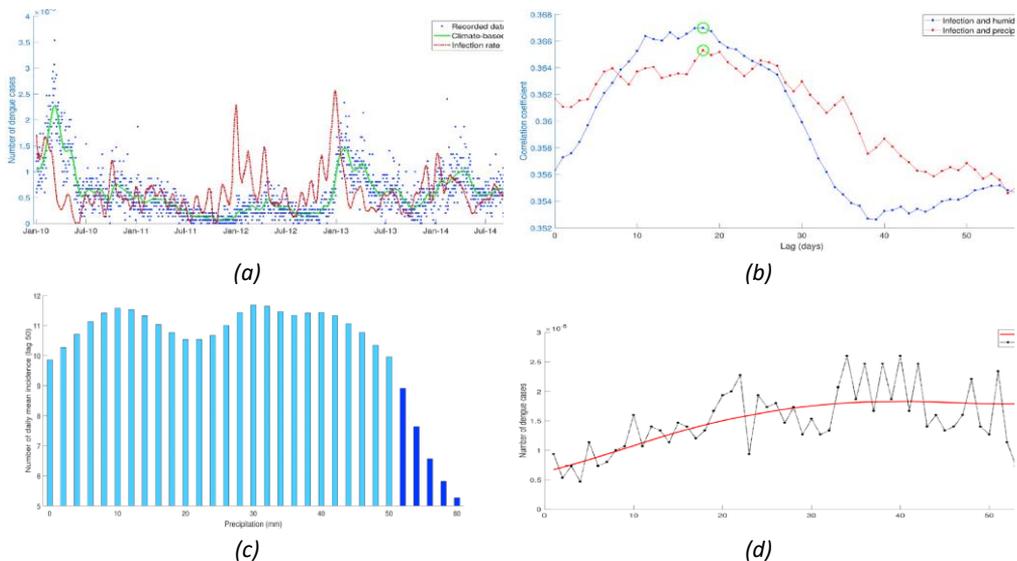
Metode:

Model vektor-inang dibangun untuk menyimulasikan dinamika penularan virus dengue. model *Autoregressive Distributed Lag* (ARDL) digunakan untuk menentukan hubungan antara laju infeksi dan variabel iklim. Lebih lanjut, laju infeksi kemudian disesuaikan melalui proses optimasi sebagai parameter yang bergantung pada waktu dan iklim seperti suhu, kelembapan, dan curah hujan. Proses optimasi bertujuan untuk mencari nilai parameter yang meminimumkan jarak antara solusi model dengan data DBD harian.

Hasil dan pembahasan:

Model ini menghasilkan *fitting* cukup bagus terhadap tren kasus DBD di Semarang, dengan menyesuaikan laju infeksi berdasarkan data iklim harian, Gambar 3.2 (a). Laju infeksi didapatkan berkorelasi dengan variabel iklim yang secara tidak langsung memengaruhi wabah DBD. Kelembapan dan curah hujan memiliki jeda 18 hari sebelum memengaruhi laju infeksi (Gambar 3.2 (b)), sementara suhu menunjukkan hubungan berbentuk kurva U terbalik dengan kasus DBD (Gambar 3.2 (c)). Model ini juga menunjukkan akurasi yang bagus selama rentang waktu prediksi jangka pendek tetapi kesulitan dengan prediksi jangka panjang (Gambar 3.2 (d)).

Studi ini menggarisbawahi pentingnya integrasi data iklim ke dalam model penularan DBD karena dapat membantu dalam memprediksi wabah dengan lebih efektif. Selain itu, pendekatan ini dapat menjadi alat yang berharga untuk perencanaan kesehatan masyarakat. Namun, studi ini memiliki keterbatasan pada daya prediksi jangka panjang karena interaksi yang kompleks antara faktor iklim dan dinamika penyakit.



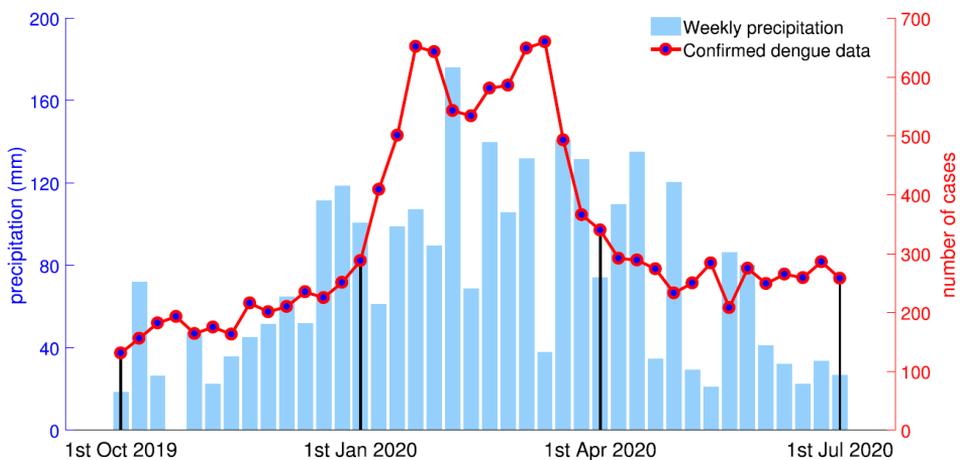
Gambar 3.2 (a) Hasil *fitting climate-based* dengue model; (b) *cross-correlation* antara laju infeksi dan variabel meteorologi; (c) hubungan kasus DBD dengan curah hujan (d) prediksi kasus DBD.

Selanjutnya beralih ke model temporal-spasial untuk wilayah Jawa Barat, model ini menarik karena bisa memberikan gambaran bagaimana transisi spasial dari penyebaran DBD antarkota/kabupaten di Jawa Barat. Makalah ini ditulis oleh I.S Fauzi, N. Nuraini, R. W. S. Ayu, dan B.W Lestari, dengan judul

Temporal Trend and Spatial Clustering of the Dengue Fever Prevalence in West Java, Indonesia, dan diterbitkan pada jurnal Heliyon, Volume 8, Issue 8, August 2022, e10350. Sekilas isi dari makalah tersebut disarikan sebagai berikut.

Deskripsi Masalah:

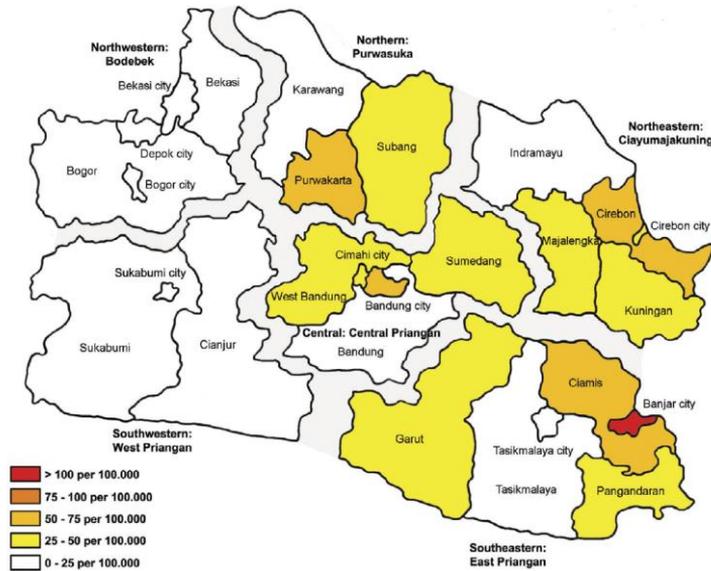
Demam dengue merupakan salah satu penyakit dengan tingkat penyebaran yang cepat dan menjadi masalah kesehatan utama di negara-negara tropis dan subtropis (WHO,2021). Kasus dengue telah ditemukan di lebih dari 100 negara di seluruh dunia dengan peningkatan jumlah kasus 30 kali lipat dalam lima dekade terakhir (C. Wang *et.al* 2015). Saat ini, wilayah Asia dan Pasifik merupakan area geografis dengan risiko tertinggi untuk infeksi dengue, di mana penularan virus dapat dengan mudah berkembang (W.T. Lai *et.al*, 2013). Terletak di area ini, Indonesia melaporkan lebih dari 100.000 kasus setiap tahun dan menjadi salah satu negara dengan risiko tinggi (H.Harapan *et.al*, 2019). Kondisi iklim tropis mendukung pertumbuhan nyamuk sebagai vektor dengue, sehingga siklus penularan akan terus berlanjut. Variasi musiman antara musim hujan dan musim kering berkaitan dengan variasi tahunan angka kasus dengue (I.S Fauzi *et.al*,2019).



Gambar 3.3 Data kasus DBD (merah) dan curah hujan (biru) Jawa Barat selama 40 minggu dari 1 Oktober 2019 sampai 1 Juli 2020.

Dengan populasi sekitar 50 juta, di mana lebih dari tiga perempatnya terkonsentrasi di daerah perkotaan dan semi-perkotaan, dengue menjadi penyakit menular yang serius di Jawa Barat. Wilayah yang padat penduduk, di

mana sebagian besar aktivitas ekonomi terjadi, tersebar di daerah tengah, barat laut, dan timur laut. Degradasi lingkungan dan urbanisasi yang cepat dapat mempermudah penularan virus dan pertumbuhan vektor. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi tren temporal dan klusterisasi spasial insiden dengue di Provinsi Jawa Barat serta memberikan gambaran yang lebih jelas tentang evolusi spasial-temporal kasus dengue, yang diharapkan dapat mengoptimalkan upaya pencegahan dan manajemen pengendalian kasus dengue oleh dinas kesehatan daerah masing-masing kabupaten dan kota.



Gambar 3.4 Rata-rata sebaran data DBD per 100.000 penduduk di 27 kabupaten/kota di Jawa Barat selama 40 minggu.

Metode:

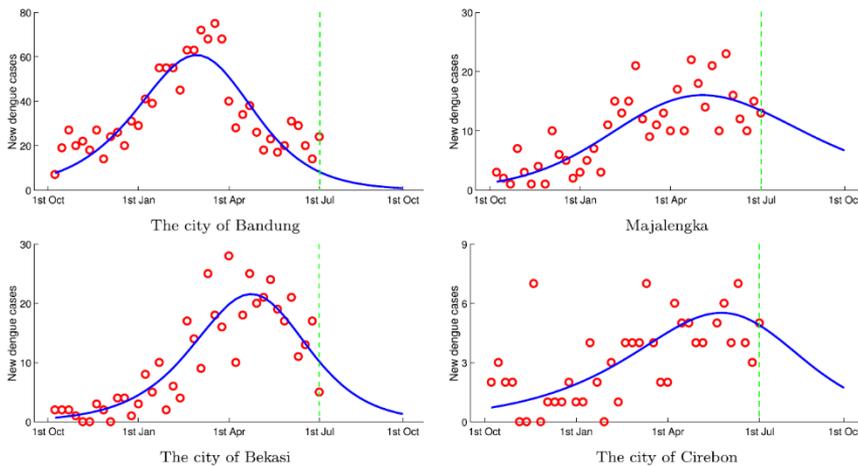
Untuk memeriksa tren temporal, penelitian ini menggunakan model Richards (X.S. Wang *et al*, 2012) untuk menghasilkan *fitting* data yang baik dengan data kasus dengue mingguan di Jawa Barat. Model ini memiliki dua kegunaan dalam pemodelan penyakit menular, yakni untuk memperkirakan laju pertumbuhan jumlah kasus kumulatif yang sering dikaitkan dengan angka reproduksi dasar, dan untuk mengidentifikasi perkembangan temporal gelombang infeksi guna mendeteksi puncak (atau titik balik) epidemi. Data yang digunakan memiliki periode 40 minggu mulai dari minggu pertama Oktober 2019 hingga minggu pertama Juli 2020 dengan jumlah total kasus 13.169. Data kasus ini menunjukkan satu gelombang, dan karena epidemi dengue di Indonesia biasanya dimulai pada awal musim hujan (akhir tahun)

dan berakhir pada awal musim kemarau (pertengahan tahun berikutnya), maka proses *fitting* akan menghasilkan satu gelombang kasus di setiap daerah.

Untuk melakukan analisis pola spasial, penelitian ini menggunakan Indeks Moran (P.A.P. Moran, 1950) untuk menentukan adanya kluster spasial kasus dengue dalam setiap siklus mingguan. Nilai tinggi Indeks Moran menunjukkan autokorelasi spasial positif dan jumlah kluster yang lebih besar. Setelah menentukan kemungkinan adanya kluster spasial kasus dengue, model statistik G^* (A. Getis, dan J.K. Ord, 1992) digunakan untuk memeriksa kluster di tingkat lokal. Statistik ini tidak hanya menggunakan jumlah kasus dengue di wilayah tersebut, tetapi juga mempertimbangkan jumlah kasus di daerah-daerah sekitarnya. Kemudian, berdasarkan nilai Z-score, setiap kabupaten dan kota di Jawa Barat diklasifikasikan ke dalam lima klasifikasi risiko epidemiologis yang berbeda, mulai dari tingkat 1 (rendah) hingga tingkat 5 (ekstrem).

Hasil dan Pembahasan:

Analisis temporal menunjukkan bahwa parameter laju pertumbuhan berkisar dari 0,0838 di kota Cirebon hingga 0,6774 di kota Banjar, sedangkan secara umum, laju pertumbuhan demam dengue di Jawa Barat adalah 0,2095. Parameter laju pertumbuhan juga berkaitan dengan titik balik di mana semakin tinggi laju pertumbuhan maka puncak gelombang insiden dengue tahunan terjadi lebih awal di wilayah tersebut. Terdapat 14 kabupaten dan 5 kota (70,4%) di Jawa Barat yang memiliki titik balik berkisar dari minggu ke-14 (minggu pertama Januari) hingga minggu ke-24 (minggu kedua Maret). Rentang titik balik ini dapat dikaitkan dengan periode dengan curah hujan tertinggi di Jawa Barat. Temuan ini konsisten dengan temuan negara-negara tropis lainnya yang melaporkan bahwa sebagian besar infeksi dengue terjadi selama periode hujan. Titik balik yang terlambat mengindikasikan bahwa kasus dengue masih dapat terjadi dalam beberapa minggu ke depan. Penelitian ini mensimulasikan model Richards selama 12 minggu untuk memprediksi kasus mingguan di beberapa kabupaten/kota.

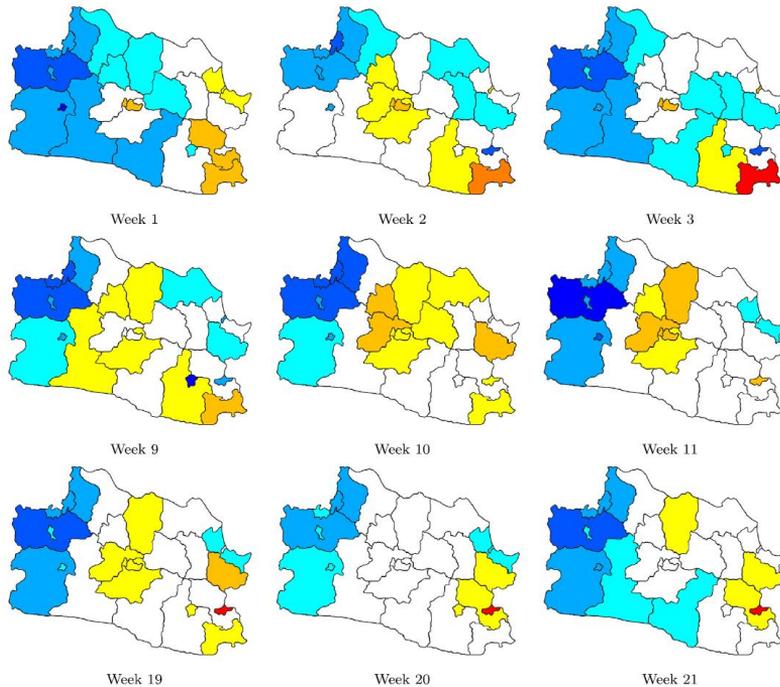


Gambar 3.5 Model Richards (biru) dan data kasus (titik-titik merah) di beberapa kabupaten/kota.

Sementara itu, analisis spasial menggunakan Indeks Moran menunjukkan koefisien Indeks Moran yang positif dan signifikan selama periode observasi dari minggu ke-1 hingga minggu ke-40, menandakan adanya kluster spasial kasus dengue. Analisis statistik G^* mengungkapkan titik panas tersebar di lima wilayah, kecuali wilayah barat laut Jawa Barat. Prevalensi dengue terutama di wilayah utara, tenggara, dan tengah selama 20 minggu pertama periode penelitian. Pada 20 minggu berikutnya, wilayah tenggara tetap menjadi titik panas, dan semua wilayah di timur laut diidentifikasi sebagai titik panas baru. Terdapat beberapa pola difusi yang berbeda yang diamati di Jawa Barat, termasuk ekspansi, penularan, dan relokasi. Dalam penelitian ini, daerah infeksi dengue berisiko tinggi tersebar di daerah dengan kepadatan penduduk rendah hingga tinggi, tetapi sebagian besar tinggal di area padat penduduk. Pangandaran dan Ciamis di tenggara, serta Kuningan di timur laut, adalah contoh kabupaten dengan kepadatan penduduk rendah yang diidentifikasi sebagai titik panas. Selain itu, sebagian besar wilayah di daerah tengah, timur laut, dan utara Jawa Barat, yang dianggap sebagai titik panas, adalah kabupaten/kota dengan populasi padat.

Hasil dari penelitian ini menyajikan analisis temporal dan spasial kasus dengue di Jawa Barat. Infeksi dengue umum dijumpai di wilayah ini, dan kasus akan meningkat signifikan selama musim hujan. Daerah berisiko tinggi terdeteksi tidak hanya di area perkotaan dan semi-perkotaan yang tersebar di wilayah tengah, timur laut, dan utara, tetapi juga di daerah pedesaan di wilayah tenggara. Temuan ini mungkin disebabkan oleh perubahan terbaru

dalam faktor sosial, ekologis, dan demografis, misalnya, perubahan perilaku manusia, perpindahan populasi, pemasangan tangki air, serta perubahan lingkungan seperti perubahan iklim dan urbanisasi di Jawa Barat. Oleh karena itu, semua profesional kesehatan perlu menyadari risiko dengue, khususnya dinas kesehatan setempat harus mengambil langkah pencegahan awal, melakukan pengawasan yang lebih ketat, dan memprioritaskan alokasi sumber daya di daerah berisiko tinggi untuk mengurangi risiko epidemi.



Gambar 3.6 Cuplikan gambaran titik panas di wilayah Jawa Barat pada periode minggu tertentu.

Setelah membahas Jawa Barat, penulis beralih ke Kota Palu. Penelitian dilakukan oleh putra daerah yang mengeksplorasi data Palu dan menghasilkan publikasi dengan judul *Modeling and descriptive analysis of dengue cases in Palu City* yang ditulis oleh Juni Wijayanti Puspita, Farida, Muhammad Fakhruddin, Nuning Nuraini, Rifky Fauzi, Sapto Wahyu Indratno dan Edy Soewono, serta dimuat pada jurnal *Physica A 625* (2023). Hasil rangkuman pekerjaan disajikan sebagai berikut.

Deskripsi Masalah:

Salah satu pertanyaan penting yang harus dijawab dalam pemodelan epidemiologi adalah bagaimana memberikan peringatan dini untuk mencegah mewabahnya suatu penyakit. Pendeteksian terhadap tren insiden

dengue, yaitu naik dan turunnya transmisi serta puncak transmisinya, dapat menjadi informasi peringatan dini mewabahnya infeksi dengue. Pada studi ini, akan ditinjau Kota Palu sebagai daerah dengan penyebaran demam berdarah dengue (DBD) yang tinggi di Provinsi Sulawesi Tengah. Dalam studi ini, informasi peringatan dini mengenai tren insiden dengue dapat diperoleh melalui perhitungan korelasi dari waktu ke waktu antara bilangan reproduksi efektif yang diperoleh dari model *host-vector*.

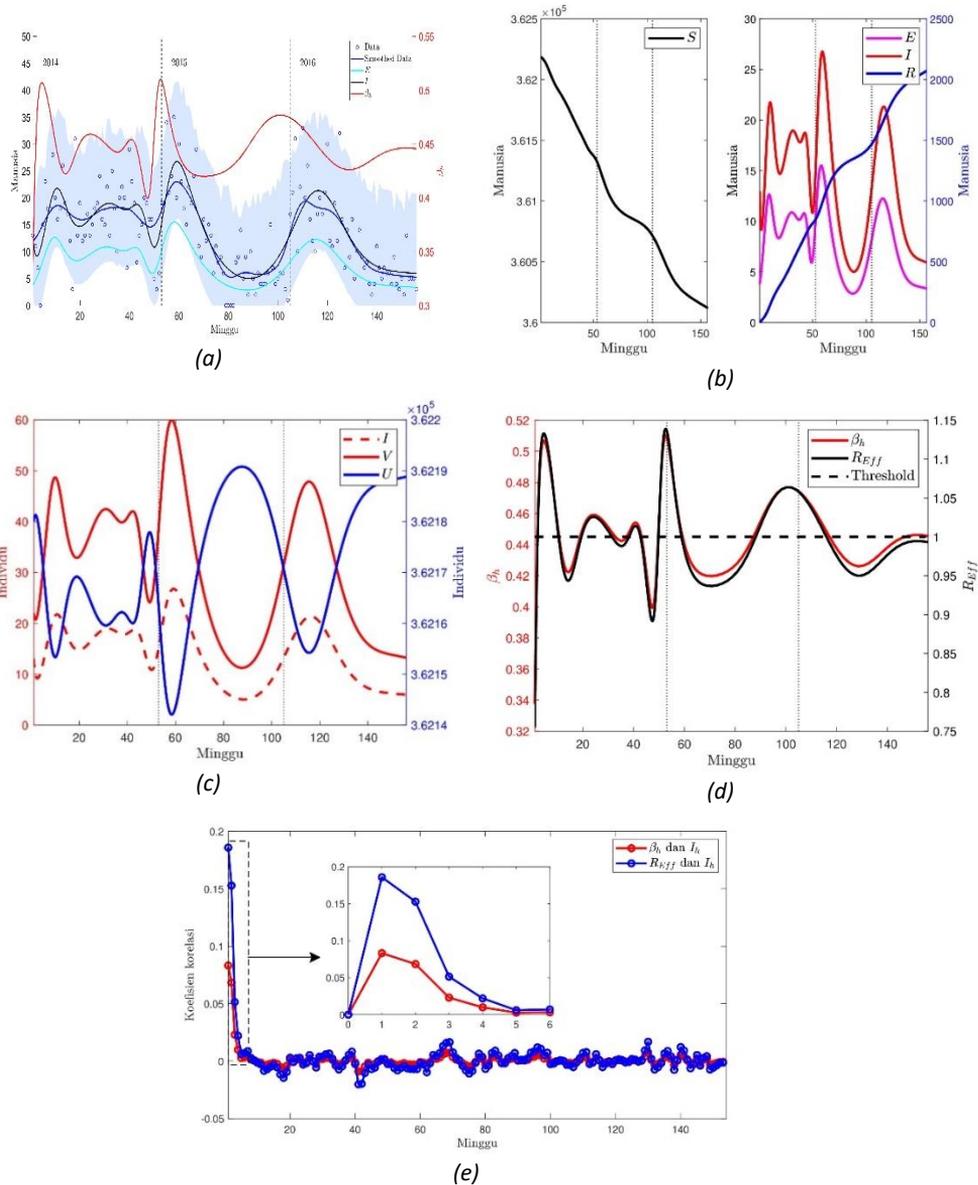
Metode:

Informasi peringatan dini mengenai tren insiden dengue dapat diperoleh melalui perhitungan korelasi dari waktu ke waktu antara bilangan reproduksi efektif yang diperoleh dari model *host-vector* dengan menggunakan metode *bootstrap*. Model *host-vector* yang bergantung waktu dikonstruksi dengan membagi populasi manusia menjadi empat subpopulasi, yaitu subpopulasi rentan (S), terpapar (E), terinfeksi dengue (I), dan sembuh dari dengue (R). Sedangkan untuk populasi nyamuk terbagi menjadi subpopulasi rentan (U) dan terinfeksi (V). Bilangan reproduksi efektif (R_{eff}) dikonstruksi secara langsung dari *next generation matrix* (NGM) tanpa mensubstitusikan *disease free equilibrium* (DFE) dan mengganti laju infeksi konstan menjadi laju infeksi yang bergantung waktu.

Sebuah fungsi kumulatif, model multilogistik, digunakan sebagai generator (pembangkit) untuk memperoleh solusi dari model-SEIR tereduksi dikonstruksi. Parameter-parameter dari fungsi tersebut diestimasi dengan menggunakan metode kuadrat terkecil tak linier yang meminimalkan *Root Mean Squared Error* (RMSE).

Hasil dan Pembahasan:

Hasil studi ini menunjukkan bahwa solusi $I(t)$ dengan selang kepercayaan 95% memiliki kecocokan yang memuaskan jika dibandingkan dengan *smoothed data* dari data kasus aktual (Gambar 3.1.7(a)). Dari gambar ini terlihat pula bahwa model yang dikonstruksi mampu menangkap pola puncak wabah yang terjadi di setiap awal tahun. Selanjutnya, Gambar 3.1.7 (b) dan Gambar 3.1.7(c) menunjukkan dinamika semua sub-populasi manusia dari model SEIR yang tereduksi dan dinamika sub-populasi nyamuk dari tahun 2014 hingga 2016.



Gambar 3.7 (a) Hasil simulasi berdasarkan data aktual tahun 2014-2016, (b) Dinamika model-SEIR tereduksi tahun 2014-2016, (c) Dinamika model-SI untuk populasi nyamuk tahun 2014-2016, (d) Bilangan reproduksi efektif mingguan ($R_{eff}(t)$) dan laju infeksi (β_h) tahun 2014-2016, (e) Korelasi silang antara laju infeksi (β_h) dan sub-populasi terinfeksi (I) serta bilangan reproduksi efektif (R_{eff}) dan sub-populasi terinfeksi (I).

Selain itu, dari studi ini ditemukan bahwa tren laju infeksi pada manusia ($\beta_h(t)$) dan R_{eff} serupa (Gambar 3.7 (d)). Hal ini menunjukkan bahwa peluang infeksi yang diwakili oleh β_h konsisten dengan tingkan keendemikan penyakit yang direpresentasikan oleh R_{eff} . Pada Gambar 3.7 (e) ditunjukkan

korelasi untuk $I - \beta_h$ dan $I - R_{eff}$. Koefisien korelasi yang bernilai positif ini menunjukkan bahwa peningkatan kemungkinan infeksi dengue akan diikuti dengan peningkatan kasus dengue pada minggu berikutnya. Dapat diamati pula bahwa koefisien korelasi tertinggi terjadi pada minggu pertama dan cenderung mulai stabil pada minggu keenam. Dari temuan ini ditegaskan bahwa bilangan reproduksi efektif berkorelasi lebih kuat dari pada laju infeksi pada manusia. Oleh karena itu, bilangan reproduksi efektif dapat digunakan sebagai indikasi awal kejadian infeksi dengue di Kota Palu satu minggu kemudian. Hasil ini sangat penting untuk pengendalian dan pencegahan transmisi dengue mingguan dengan hanya berdasarkan data kasus dengue mingguan.

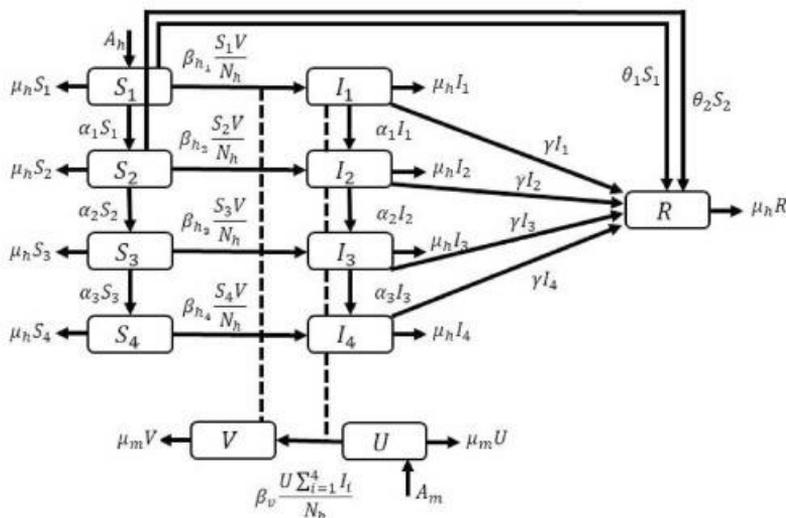
Akhirnya sampailah kita di Kota Bandung. Pada bagian terakhir subbab model DBD, akan dibahas model transmisi dengan struktur usia yang menggunakan data DBD di Kota Bandung. Makalah ini ditulis oleh Juni Wijayanti Puspita, Muhammad Fakhruddin, Nuning Nuraini, dan Edy Soewono, dengan judul ***Time-dependent force of infection and effective reproduction ratio in an age-structure dengue transmission model in Bandung City, Indonesia***, dan dipublikasikan pada jurnal Infectious Disease Modelling, Vol. 7, Issue 3, halaman 430-447, tahun 2022. Dengan sari materi sebagai berikut.

Deskripsi Masalah:

Memahami intensitas infeksi dengue pada suatu kelompok usia merupakan hal yang sangat penting untuk menentukan strategi pencegahan dan pengendalian yang optimal, seperti implementasi vaksin di masa depan. Dalam hal ini, usia merupakan satu-satunya batasan untuk merekomendasikan vaksin di negara-negara dengan endemisitas tinggi (M. Aguiar and N. Stollenwerk, 2018). Faktor usia yang memengaruhi kerentanan terhadap infeksi dengue perlu dipertimbangkan dalam konstruksi model *host-vector*. Namun, faktor ini tidak bisa hanya diakomodasi dengan pendekatan homogen. Dalam studi ini, model *host-vector* dengan struktur usia pada populasi manusia dikonstruksi, untuk mengukur kekuatan infeksi (*force of infection*) di setiap kelompok usia dan menganalisis efektivitas vaksinasi pada masing-masing kelompok usia dan seluruh populasi berdasarkan data kasus dengue di Indonesia.

Metode:

Dalam studi ini, data total kasus dengue harian dikelompokkan berdasarkan empat kelompok usia, yaitu kelompok anak-anak (*children*) berusia 0-4 tahun, kelompok remaja (*youngster*) berusia 5-14 tahun, kelompok dewasa produktif (*productive adults*) berusia 15-60 tahun, dan kelompok lanjut usia (*elder*) yang berusia lebih dari 60 tahun. Oleh karena itu, model transmisi dengue yang bergantung waktu, dikonstruksi dengan mengelompokkan populasi manusia menjadi empat kelompok usia. Misalkan $S_i(t), I_i(t)$, dan $R(t)$ yang secara berurutan menyatakan jumlah manusia yang rentan, terinfeksi, dan sembuh pada waktu t , dengan indeks $i = 1,2,3,4$ mengacu pada kelompok usia anak-anak, remaja, dewasa produktif, dan lanjut usia. Sedangkan untuk populasi nyamuk terbagi menjadi dua, yaitu $U(t)$ dan $V(t)$ masing-masing menyatakan jumlah nyamuk yang rentan dan terinfeksi pada waktu t . Pada model yang dikonstruksi juga mengakomodir skenario vaksinasi sebagai intervensi untuk mengendalikan penyebaran dengue.



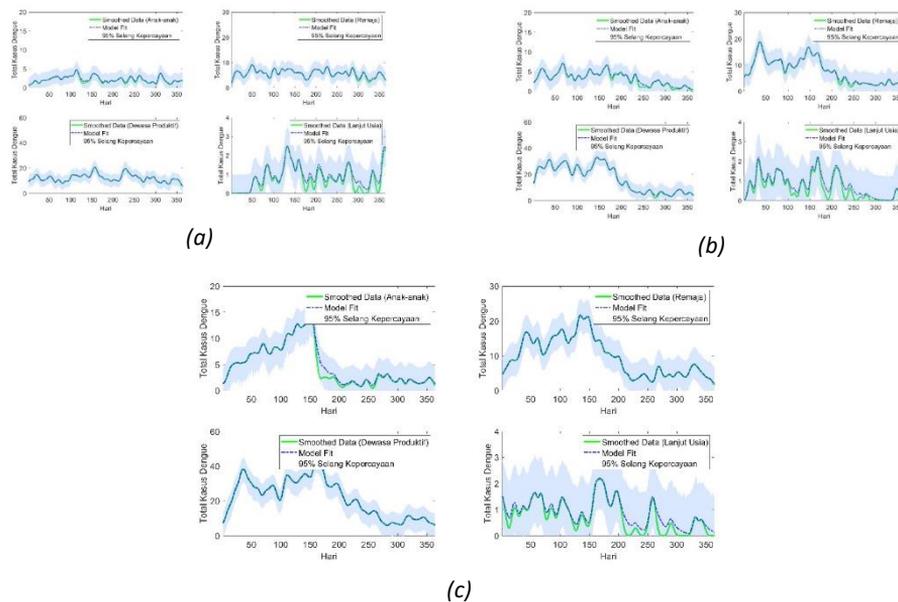
Gambar 3.8 Diagram transmisi dari model struktur usia DBD Bandung.

Bilangan reproduksi efektif dikonstruksi dengan menerapkan pendekatan dalam mengkonstruksi NGM pada R_0 , tetapi tanpa menyubstitusikan titik ekuilibrium bebas penyakit. Kekuatan infeksi (*force of infection*), yang selanjutnya disingkat dengan FoI, di setiap kelompok usia didefinisikan sebagai laju rata-rata dari satu individu rentan di setiap kelompok usia dapat terinfeksi. Indikator ini digunakan untuk mengamati pergeseran infektivitas di setiap kelompok usia selama periode tertentu (D. A. Cummings *et.al*, 2009).

Model tereduksi yang dikonstruksi kemudian dicocokkan dengan data kasus dengue untuk mendapatkan laju infeksi $\beta_{h_i}(t)$ untuk masing-masing struktur usia. Dalam hal ini, turunan pertama dari setiap kompartemen pada model tereduksi diaproksimasi menggunakan pendekatan *forward difference*. Selanjutnya, $\beta_{h_i}(t)$ diaproksimasi dari data terinfeksi yang telah dihaluskan (*smoothed*) $\hat{I}_i(t)$, untuk $i = 1,2,3,4$.

Hasil dan Pembahasan:

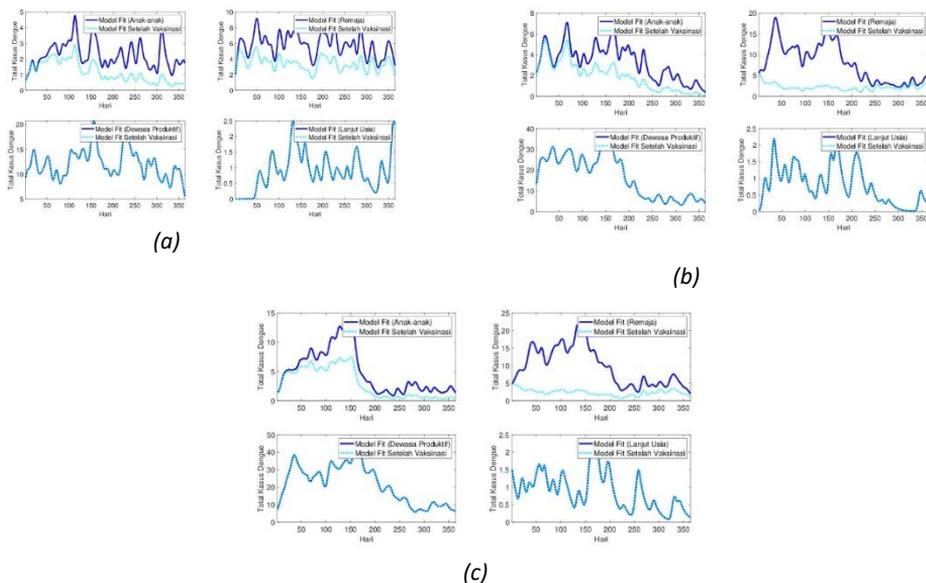
Hasil dari studi ini adalah dapat ditunjukkan bahwa model dengan struktur usia dapat mendekati data yang *smooth*.



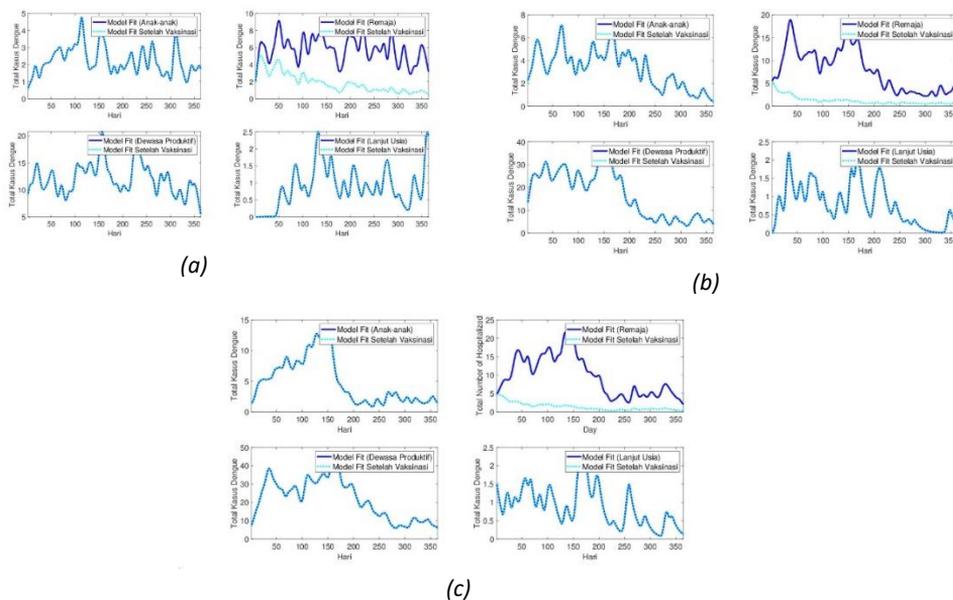
Gambar 3.9 Simulasi model tereduksi yang bergantung pada waktu dengan struktur usia berdasarkan total data kasus dengue harian di Kota Bandung pada tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016

Kekuatan infeksi (FoI) tahunan di setiap kelompok usia sebelum dan sesudah vaksinasi dapat diperoleh dalam studi ini. Nilai FoI pada kelompok usia anak-anak sebelum vaksinasi terus meningkat dari tahun 2014 hingga 2016, tetapi hal sebaliknya terjadi pada kelompok usia remaja. Bahkan, pada tahun 2015 nilai FoI pada anak-anak meningkat signifikan. Lebih lanjut, FoI pada remaja lebih tinggi dibandingkan kelompok usia lainnya, baik sebelum maupun setelah vaksinasi. Ini menunjukkan bahwa kelompok usia tersebut menerima paparan dengue yang intens. Setelah vaksinasi, nilai FoI sedikit

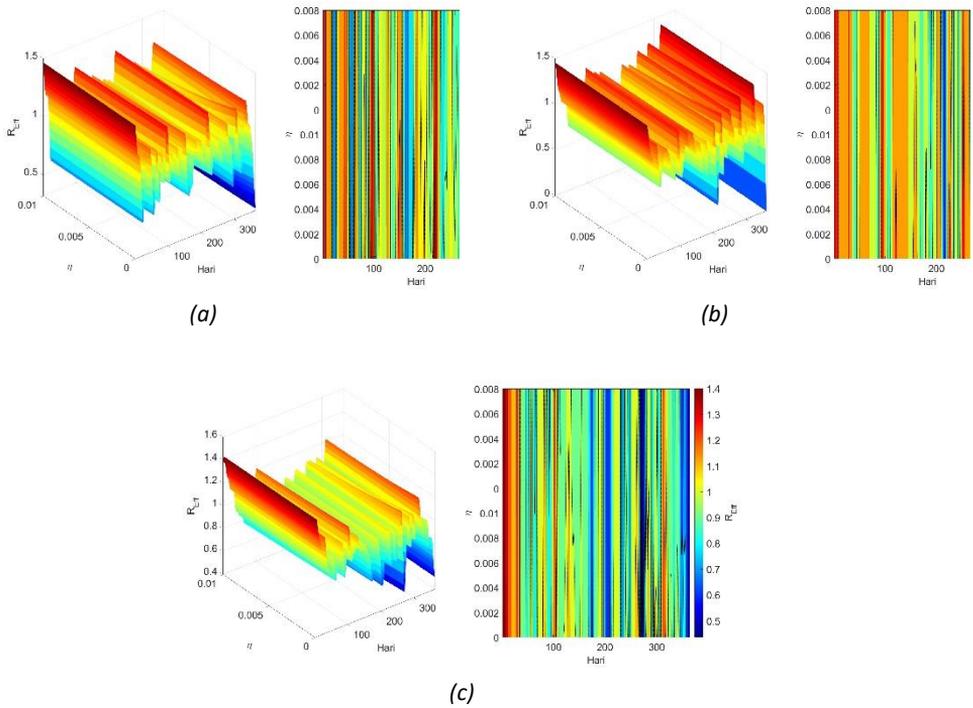
menurun, tetapi hal ini berkontribusi pada penurunan infeksi dengue yang signifikan (Gambar 3.10 dan 3.11).



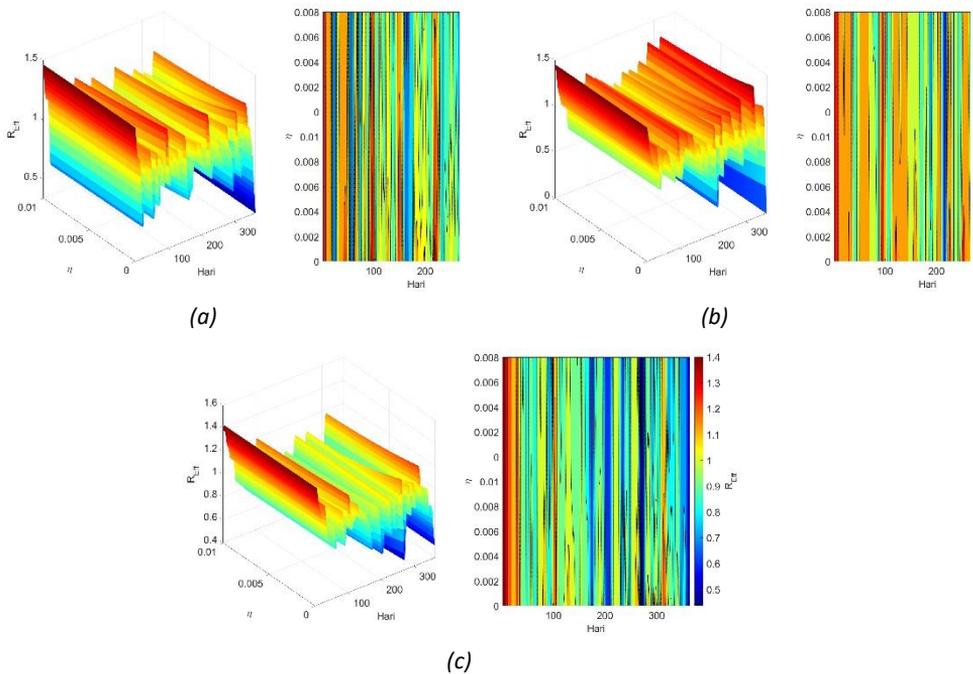
Gambar 3.10 Dinamika subpopulasi terinfeksi dari model struktur usia yang bergantung waktu dengan skenario vaksinasi pada kelompok usia anak-anak ($\eta = 0.01$) untuk tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016



Gambar 3.11 Dinamika subpopulasi terinfeksi dari model struktur usia yang bergantung waktu dengan skenario vaksinasi pada kelompok usia remaja ($\eta = 0.01$) untuk tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016.



Gambar 3.12 Bilangan reproduksi efektif harian untuk skenario kelompok usia anak-anak tervaksinasi pada tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016.



Gambar 3.13 Bilangan reproduksi efektif harian untuk skenario kelompok usia remaja tervaksinasi pada tahun (a) 2014, (b) 2015, dan (c) 2016.

Bilangan reproduksi efektif harian untuk kelompok usia anak-anak dan remaja yang divaksinasi pada tahun 2014-2016 ditunjukkan pada Gambar 3.12 dan Gambar 3.13. Dari kedua gambar tersebut terlihat bahwa bilangan reproduksi efektif harian menurun secara perlahan ketika laju vaksinasi meningkat. Lebih lanjut, perhatikan bahwa vaksinasi pada kelompok remaja menyebabkan bilangan reproduksi efektif menurun dengan cepat dibandingkan vaksinasi pada kelompok anak-anak. Hal ini menunjukkan bahwa vaksinasi pada kelompok remaja merupakan strategi pengendalian transmisi dengue terbaik.

Berdasarkan hasil-hasil simulasi numerik di atas dapat disimpulkan bahwa pada kelompok risiko tinggi terinfeksi dengue adalah kelompok usia remaja. Pemberian vaksin pada kelompok usia ini mampu menurunkan jumlah kasus dengue di kota-kota tersebut. Dengan demikian, memprioritaskan strategi vaksinasi pada kelompok usia remaja dapat menjadi cara yang efektif untuk mengendalikan penyebaran infeksi dengue di masa mendatang.

3.2 Model Penyebaran Penyakit Campak

Selain DBD, ada banyak penyakit lain yang menarik untuk dimodelkan, salah satunya adalah campak. Diskusi mengenai penyebaran campak di Jakarta diinspirasi dan dukungan data dari kolega di bidang Kesehatan yang turut berkontribusi pada penulisan makalah yang berjudul *Investigation of a measles transmission with vaccination: a case study in Jakarta, Indonesia*, ditulis oleh M. Fakhruddin, D. Suandi, Sumiati, H. Fahlana, N. Nuraini, dan E. Soewono, serta dimuat dalam jurnal *Math. Biosci. Eng. (MBE)*, 17.4 (2020). Tulisan tersebut disarikan pada poin-poin berikut.

Deskripsi Masalah:

Campak merupakan salah satu penyakit yang sangat menular dan menjadi masalah kesehatan masyarakat yang signifikan. Meskipun program vaksinasi telah secara substansial mengurangi kasus campak di seluruh dunia, wabah Campak masih sering terjadi terutama di wilayah dengan cakupan vaksin yang tidak lengkap. Jakarta diindikasikan sebagai salah satu wilayah tersebut, yang mengalami kasus campak yang cukup tinggi meskipun ada program imunisasi. Studi ini bertujuan untuk menyelidiki dinamika penularan campak di Jakarta dan menilai efektivitas vaksinasi sebagai strategi pengendalian.

Artikel ini memperkenalkan model *Susceptible-Infected-Hospitalized-Recovery* (SIHR) untuk memahami dinamika penyebaran campak yang divalidasi menggunakan data dari Dinas Kesehatan Provinsi Jakarta.

Metode:

Studi ini menggunakan dua model pendekatan, yaitu model SIHR deterministik dan model stokastik yang mengakomodir efek acak. Model deterministik membagi populasi menjadi empat bagian, yaitu populasi rentan, terinfeksi, dirawat, dan sembuh. Model ini menyimulasikan penularan campak dalam berbagai kondisi dan menghitung kuantitas epidemiologi utama seperti *basic reproduction number* (R_0). Model stokastik memasukkan faktor peluang ke dalam proses infeksi sebagai variabilitas di dunia nyata.

Parameter seperti laju infeksi, laju perawatan, dan laju pemulihan diestimasi menggunakan data dari Dinas Kesehatan Provinsi Jakarta. Studi ini juga mencakup analisis sensitivitas untuk menentukan pengaruh berbagai parameter terhadap dinamika penyakit sehingga strategi pengendalian diusulkan berdasarkan hasil ini.

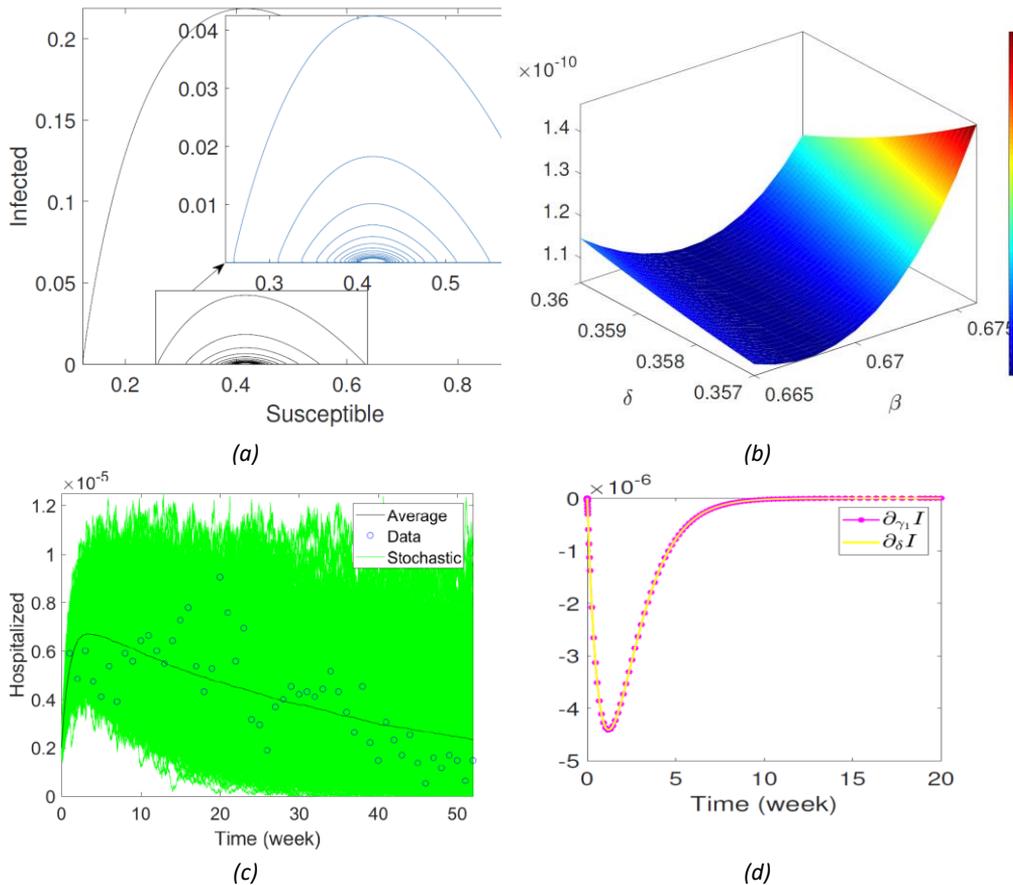
Hasil dan pembahasan:

Hasil studi ini menunjukkan bahwa terdapat solusi osilasi pada model deterministik dalam kondisi tertentu, Gambar 3.14 (a). Estimasi parameter laju infeksi dan laju hospitalization menunjukkan hasil yang cukup bagus terhadap data serta disajikan plot 3D resnorm pada Gambar 3.14 (b). Model stokastik secara efektif menangkap keacakan melalui simulasi yang dapat mencakup data dalam interval kepercayaan 95%, Gambar 3.14 (c).

Analisis sensitivitas mengungkapkan bahwa laju hospitalization dan laju pemulihan alami adalah parameter yang paling berpengaruh pada kompartemen terinfeksi dalam mengurangi kasus campak, Gambar 3.14 (d). Vaksinasi memainkan peran penting dalam mengurangi populasi yang rentan. Selain itu, akses pengobatan (laju *hospitalization*) di rumah sakit juga penting dalam mengendalikan kasus campak.

Studi ini menyimpulkan bahwa meskipun vaksinasi penting untuk mencegah wabah campak, akses pengobatan tepat waktu bagi individu terinfeksi sama pentingnya dalam mengendalikan penyebaran penyakit. Penulis menyarankan agar para pembuat kebijakan fokus pada peningkatan

kualitas akses dan pelayanan di rumah sakit serta peningkatan cakupan vaksin untuk mencapai pengendalian wabah campak yang lebih baik di Jakarta. Model ini memberikan wawasan mengenai dinamika penularan campak serta menyediakan kerangka kerja untuk mengevaluasi strategi pengendalian di masa mendatang.



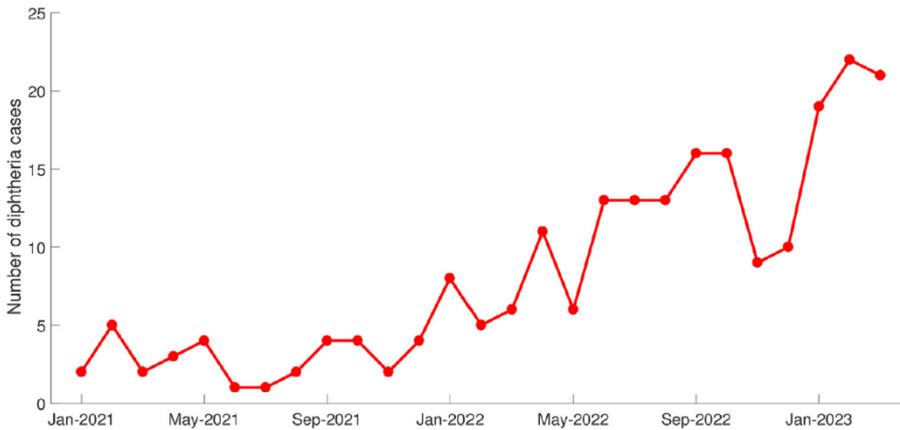
Gambar 3.14 (a) *Oscillatory orbit*; (b) plot 3D dari *resnorm* terhadap laju infeksi dan *hospitalization*; (c) 95% interval kepercayaan dari model *Stochastic Differential Equation (SDE)*; (d) dinamika sensitifitas kompartemen terinfeksi terhadap laju *hospitalization* dan kesembuhan alami.

3.3 Penyebaran Penyakit Difteri

Saat pandemi COVID-19 mulai berakhir, dari hasil diskusi dengan rekan dari pihak kesehatan masyarakat di Jawa Barat terungkap bahwa wabah Difteri dikhawatirkan muncul kembali, walaupun tingkat vaksinasi sudah mencapai 90% ke atas. Dari fenomena ini muncul pertanyaan, berapakah booster vaksinasi minimal yang harus dilakukan untuk tiap kabupaten/kota di Jawa Barat? Hasil kajian ini dipublikasikan pada jurnal dengan judul **Assessing the**

impact of booster vaccination on diphtheria transmission: Mathematical modeling and risk zone mapping yang ditulis oleh Ilham Saiful Fauzi, Nuning Nuraini, Ade Maya Sari, Imaniah Bazlina Wardani, Delsi Taurustiati, Purnama Magdalena Simanullang, Bony Wiem Lestari, serta dipublikasikan pada jurnal *Infectious Disease Modelling* Vol.9, pp. 245-262 (2024). Ringkasan tulisan tersebut adalah sebagai berikut.

Deskripsi masalah:

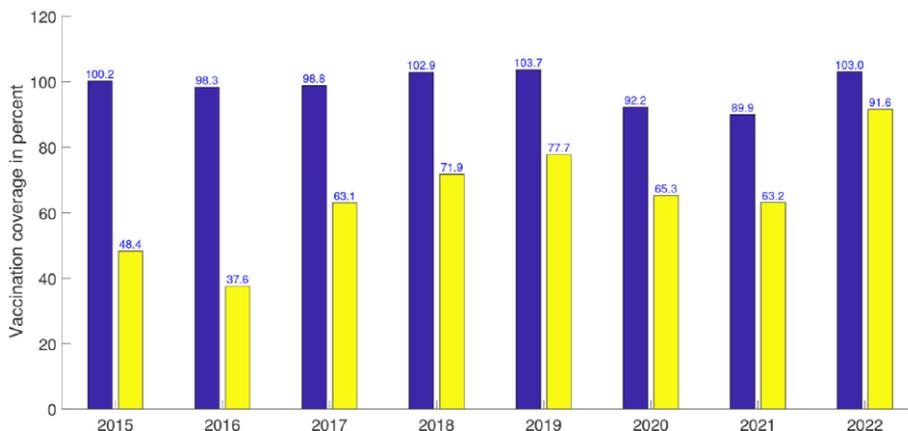


Gambar 3.15 Data kasus difteri Jawa Barat 2021 - 2023

Penularan difteri akibat infeksi bakteri *Corynebacterium diphtheria* telah menjadi ancaman terhadap kesehatan masyarakat di seluruh dunia. Secara global, sebanyak 5.000 kasus difteri dilaporkan setiap tahun (Zakikhany, K., & Efstratiou, A. 2012). Namun, dalam beberapa tahun terakhir, terjadi peningkatan signifikan temuan kasus difteri sejak tahun 2017 (Clarke, K. E., et al. 2019), termasuk saat pandemi COVID-19 yang turut berkontribusi dalam kemunculan kembali kasus atau peningkatan temuan kasus difteri seperti di Pakistan (Saeed, M., et al. 2023), India (WHO, 2023), Peru (Mezones-Holguin, E., et al. 2021), dan Nigeria (Ibrahim, O., et al. 2022)

Provinsi Jawa Barat sebagai salah satu daerah di Indonesia yang berisiko tinggi terhadap infeksi difteri juga menunjukkan adanya lonjakan kasus difteri sejak tahun 2010 hingga 2017 (Harapan, H., et al. 2019). Melalui peningkatan cakupan vaksinasi, jumlah kasus difteri dapat diturunkan secara bertahap hingga tahun 2020. Namun, disrupted pelayanan kesehatan selama pandemi COVID-19, termasuk pelayanan vaksinasi, menyebabkan

peningkatan kasus difteri yang tidak terduga selama periode Januari 2021 hingga Maret 2023 (Dinas Kesehatan Provinsi Jawa Barat).



Gambar 3.16 Cakupan vaksinasi pertama (biru) dan booster (kuning) di Jawa Barat 2015 – 2022.

Vaksinasi DPT dan lanjutan memainkan peranan penting dalam menekan angka insiden secara global. Vaksin lanjutan membantu memperkuat respons kekebalan tubuh, memberikan perlindungan tambahan terhadap difteri dan memperpanjang durasi kekebalan setelah periode vaksinasi awal. Di Provinsi Jawa Barat, tingkat cakupan vaksinasi DPT 1-3 selama periode 2015-2020 mencapai rata-rata yang sangat baik, yaitu sekitar 98,62%. Namun, tingkat cakupan imunisasi lanjutan hanya mencapai 64,84%. Penelitian ini bertujuan untuk menilai efektivitas vaksinasi lanjutan dalam mengendalikan penularan difteri melalui pemodelan matematis, dan memberikan analisis komprehensif mengenai distribusi spasial kasus difteri yang ada di Provinsi Jawa Barat.

Metode:

Untuk menjelaskan mekanisme penularan difteri dalam populasi manusia, penelitian ini menggunakan model SIR klasik yang diintegrasikan dengan proses vaksinasi. Populasi manusia diklasifikasikan menjadi tiga kelas epidemiologi, yakni rentan (S), terinfeksi (I), dan sembuh (R). Vaksinasi DPT dan vaksinasi lanjutan diakomodasi oleh parameter vaksinasi ke dalam model. Penelitian ini mengasumsikan bahwa tiga dosis vaksinasi DPT yang diberikan kepada bayi baru lahir dan anak-anak dengan usia kurang dari 1 tahun adalah vaksinasi lengkap yang menginduksi kekebalan terhadap infeksi difteri. Vaksinasi lanjutan diberikan kepada individu berusia lebih dari 1

tahun, dengan proporsi tertentu untuk menurunkan tingkat infeksi difteri. Analisis tren epidemiologi juga dilakukan dengan menghitung nilai angka reproduksi dasar (R_0) yang merupakan indikator penting untuk membantu memprediksi apakah penyakit akan hilang atau terus menyebar.

Untuk pemetaan zona risiko, penelitian ini memulai dengan memeriksa kemungkinan keberadaan kluster spasial dari kasus difteri tahunan di provinsi Jawa Barat dengan menentukan Indeks Moran. Setelah mengidentifikasi kemungkinan adanya pengelompokan spasial kasus difteri, penelitian ini juga menyelidiki kluster ini pada tingkat yang lebih lokal untuk mengidentifikasi area hotspot. Analisis hotspot dilakukan dengan menggunakan statistik Getis-Ord G_i^* untuk menunjukkan area dengan risiko infeksi yang meningkat, yang juga memperhitungkan area sekitar.

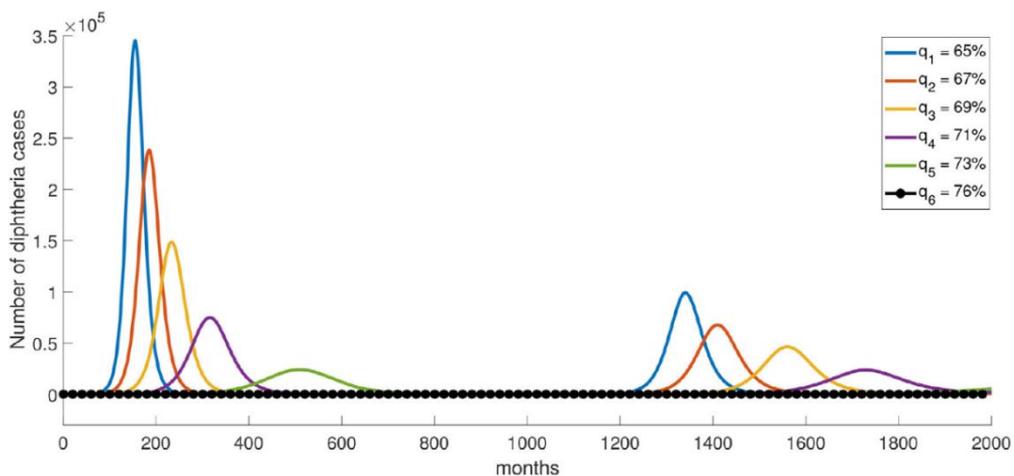
Hasil dan Pembahasan:

Hasil perhitungan nilai angka reproduksi dasar pada penelitian ini adalah $R_0 \approx 1.4329$, di mana nilai $R_0 > 1$ menunjukkan bahwa penyakit difteri dapat terus menular di dalam populasi yang mengindikasikan potensi peningkatan insiden difteri di Provinsi Jawa Barat. Selain itu, analisis sensitivitas R_0 juga menunjukkan bahwa peningkatan pengobatan difteri dan perluasan vaksinasi lanjutan dapat secara signifikan mengurangi jumlah insiden difteri.

Untuk analisis efektivitas vaksinasi lanjutan yang saat ini dalam level cukup baik dengan cakupan 64,84%, pada penelitian simulasi numerik dilakukan untuk mengetahui pengaruh vaksinasi lanjutan terhadap jumlah insiden difteri dengan memvariasikan nilai parameter cakupan vaksinasi lanjutan dari 62% hingga 68%. Simulasi mengindikasikan bahwa vaksinasi lanjutan di Provinsi Jawa Barat perlu dioptimalkan. Hasil kajian menunjukkan bahwa jumlah kasus cenderung mencapai tingkat keseimbangan bebas penyakit ketika persentase cakupan vaksinasi lanjutan melebihi 75,15%. Semakin dekat cakupan vaksinasi dengan ambang batas kritis tersebut, maka puncak Kejadian Luar Biasa (KLB) akan semakin tertunda.

Sementara itu, pemetaan zona risiko menunjukkan bahwa wilayah dengan risiko tinggi infeksi difteri tersebar di berbagai wilayah dengan kepadatan penduduk yang berbeda-beda, mulai dari yang rendah (pedesaan) sampai yang tinggi (perkotaan). Pada tahun 2021 menunjukkan bahwa terdapat pengelompokan *hotspot* di wilayah barat yang terdiri dari 5 kabupaten/kota

dengan satu *hotspot* level sedang di Kota Bogor. Pada tahun 2022 terjadi peningkatan jumlah *hotspot* yang signifikan dan tersebar di wilayah barat, tengah, dan selatan. Sebanyak 15 kabupaten/kota diidentifikasi sebagai *hotspot* dengan level yang beragam. Wilayah barat yang semula hanya memiliki satu *hotspot* level tinggi kini bertambah menjadi empat *hotspot* level tinggi. Sementara itu, pada tahun 2023 *hotspot* bergeser dari wilayah barat ke wilayah selatan dengan lima area teridentifikasi sebagai *hotspot*. Kabupaten Garut menjadi satu-satunya area *hotspot* dengan level tinggi. Pola difusi kasus difteri di Jawa Barat menunjukkan kombinasi antara difusi penularan dan ekspansi. Penyakit ini terus menyebar keluar dari lokasi awal, bergeser ke area sekitarnya, dan menciptakan kluster atau konsentrasi kasus yang luas secara spasial.



Gambar 3.17 Simulasi model untuk berbagai skenario vaksinasi.

Hasil dari penelitian ini menyajikan model matematika yang menggabungkan data vaksinasi difteri dan menjelaskan analisis spasial kasus difteri di Jawa Barat. Pandemi COVID-19 telah berdampak negatif pada upaya vaksinasi dan pengendalian kasus difteri, yang mengakibatkan peningkatan kasus difteri setelah pandemi. Model matematis menghitung angka reproduksi dasar yang lebih besar dari 1, menunjukkan potensi terjadinya wabah difteri, tetapi hal ini dapat dicegah dengan meningkatkan cakupan vaksinasi lanjutan. Analisis spasial mengungkapkan area berisiko tinggi di wilayah barat, tengah, dan selatan Jawa Barat. Wilayah ini tidak hanya kota yang padat penduduk tetapi juga terdiri atas daerah pedesaan dengan kepadatan penduduk yang rendah.

4 MODEL PENYEBARAN COVID-19

Pandemi COVID-19 menandai titik balik signifikan dalam perkembangan model matematika epidemiologi. Pada periode ini, penulis juga menghadapi tantangan dan peluang yang tidak terlupakan untuk memberikan kontribusi kepada masyarakat dan pemerintah.

Model pertama yang akan dibahas adalah model sederhana berdasarkan kurva Richards, yang berperan sebagai pembelajaran awal dalam pemodelan epidemiologi pada skala nasional. Model ini juga membuka peluang bagi penulis untuk memberikan edukasi kepada masyarakat mengenai peran dan pentingnya pemodelan matematika dalam memahami penyebaran penyakit. Model ini digunakan untuk membahas kasus pertama COVID-19 di Indonesia pada awal Maret 2020, memberikan proyeksi sederhana. Namun, proyeksi ini sempat disalahartikan dan menjadi viral. Penjelasan singkat dan sederhana dari model tersebut akan diuraikan berikut ini.

Penggunaan *Richard's Curve* untuk memodelkan dinamika penyebaran penyakit sudah sering digunakan oleh peneliti sebelum pandemi untuk memodelkan penyakit yang berpotensi menyebar dengan cepat, seperti SARS di Hongkong pada 2003. Hal ini menginspirasi penulis untuk membuat model COVID-19 dengan studi kasus di beberapa negara seperti China, Italia, Iran, Korea Selatan, dan Amerika Serikat, berdasarkan data yang diperoleh antara 21 Januari 2020 hingga 13 Maret 2020. Tujuan utama model ini adalah untuk memprediksi laju penyebaran penyakit, memperkirakan puncak epidemi, serta mengidentifikasi akhir pandemi.

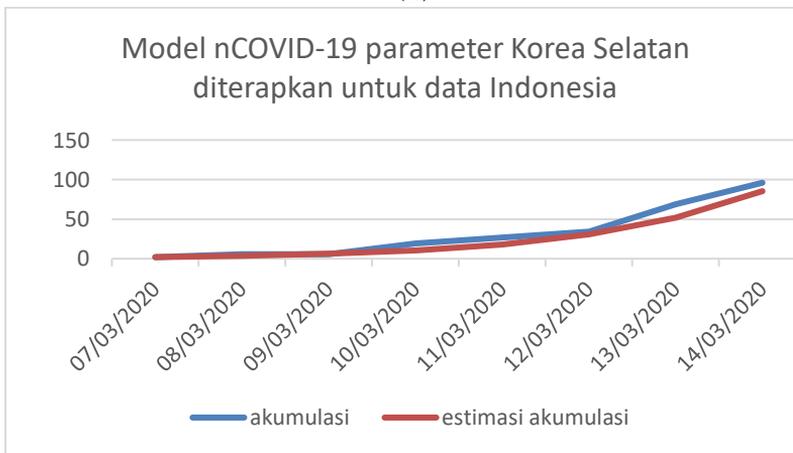
Model yang digunakan didasarkan pada parameter seperti laju pertumbuhan, kapasitas pembawa (*carrying capacity*), dan efek asimptotik, yang diestimasi menggunakan metode *Least Square*. Penulis juga mengaplikasikan model ini untuk memproyeksikan jumlah kasus COVID-19 di Indonesia. Dari hasil simulasi, penulis menyimpulkan bahwa pendekatan model dari Korea Selatan paling sesuai untuk memproyeksikan kasus di Indonesia, mengingat keberhasilan Korea Selatan dalam menanggulangi penyebaran pandemi.

Hasil simulasi ditunjukkan Gambar 4.1 (a) memberikan proyeksi jumlah kasus yang secara konsisten meningkat hingga mencapai angka

kasus lebih dari 8.000 kasus. Selain itu, jumlah kasus baru harian juga akan meningkat hingga akhir Bulan Maret, dengan angka maksimum jumlah kasus baru diperkirakan mencapai 600 kasus. Simulasi ini berdasarkan estimasi parameter yang diperoleh dengan membandingkan data Korea Selatan pada Gambar 4.1 (b).



(a)



(b)

Gambar 4.1 Simulasi model Richards untuk kasus awal COVID-19 di Indonesia (a), estimasi parameter model dengan menggunakan data Korea Selatan yang diterapkan untuk kasus awal Indonesia.

Selain memaparkan simulasi, makalah ini menekankan pentingnya *social distancing* dan kebijakan intervensi yang cepat untuk mengurangi penyebaran virus. Tanpa tindakan yang tepat, jumlah kasus bisa meningkat pesat dan menyebabkan sistem kesehatan kewalahan.

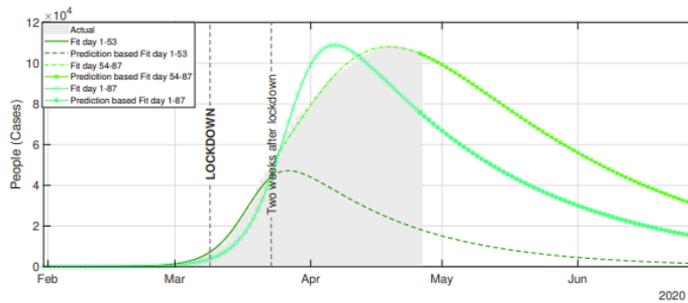
Secara keseluruhan, makalah ini memberikan analisis sederhana mengenai penggunaan model matematika untuk memprediksi dinamika pandemi COVID-19 dan bagaimana langkah-langkah kebijakan berbasis data dapat membantu memitigasi dampak dari pandemi.

Untuk lebih jelasnya dapat dibaca pada artikel berikut, N. Nuraini, K. Khairudin, M. Apri, *Modeling Simulation of COVID-19 in Indonesia based on Early Endemic Data*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 3, NO. 1, PP. 1-8, (2020).

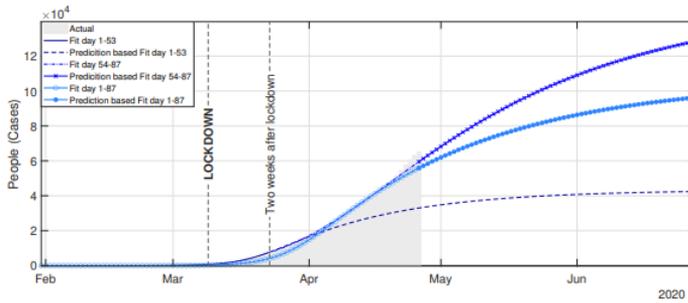
Selanjutnya pada masa COVID-19 salah satu pokok bahasan yang menarik secara matematis adalah parameter penting dalam penyebaran penyakit, yakni bilangan reproduksi dasar. Angka reproduksi dasar, atau R_0 (*basic reproduction number*), adalah konsep penting dalam epidemiologi yang menggambarkan potensi penyebaran suatu penyakit menular dalam populasi. Secara matematis, R_0 didefinisikan sebagai rata-rata jumlah individu baru yang akan tertular oleh satu individu yang terinfeksi dalam populasi yang sepenuhnya rentan (belum ada imunitas atau intervensi). Rumusan bilangan ini bisa diturunkan melalui beberapa cara.

Dalam makalah yang berjudul *How Many Can You Infect? Simple (and Naive) Methods of Estimating the Reproduction Number*, yang ditulis oleh H. Susanto, V.R. Tjahjono, A. Hasan, M.F. Kasim, N. Nuraini, E.R.M. Putri, R. Kusdiantara, H. Kurniawan dan diterbitkan di jurnal COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 3, NO. 1, PP. 28-36, (2020), membahas metode sederhana untuk mengestimasi angka reproduksi (*reproduction number*) dari penyakit menular, dengan contoh kasus pandemi COVID-19 di Italia (simulasi ditunjukkan pada Gambar 4.2). Angka reproduksi menggambarkan berapa banyak orang yang dapat terinfeksi oleh satu orang yang terinfeksi selama wabah. Penulis menggunakan model *susceptible-infected-removed* (SIR) untuk mengestimasi angka reproduksi, baik angka reproduksi dasar (R_0) maupun efektif (R_t). Mereka menerapkan tiga metode berbeda:

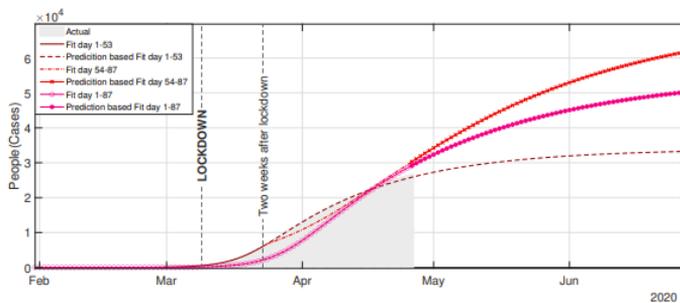
1. Metode parameter fit – mengestimasi parameter model dari data yang ada untuk menghitung angka reproduksi.
2. Menggunakan data infeksi dan pemulihan – menghitung angka reproduksi dengan membandingkan jumlah individu yang terinfeksi dan sembuh.
3. Menggunakan data kasus baru – menghitung angka reproduksi dari pertambahan harian jumlah kasus baru.



(a)



(b)

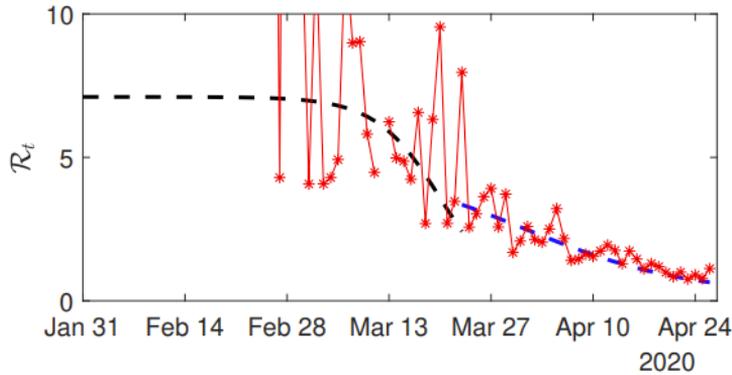


(c)

Gambar 4.2 Prediksi evolusi wabah COVID-19 di Italia berdasarkan hasil pemodelan diskret SIR (7)-(9) untuk (a) kasus aktif; (b) sembuh; (c) meninggal. Area yang diarsir mewakili data resmi yang diambil dari repositori Johns Hopkins University Center for Systems Science and Engineering.

Terdapat tiga tren prediksi berbeda, yang didasarkan pada panjang data yang digunakan dalam pemodelan, lihat legenda. Hari 1 = 31 Januari 2020, Hari 39 (lockdown nasional) = 9 Maret 2020, Hari 87 = 26 April 2020.

Makalah ini menunjukkan bahwa langkah-langkah *lockdown* nasional di Italia efektif dalam menurunkan angka reproduksi, dengan efek yang terlihat dua minggu setelah pelaksanaan. Hasil perhitungan angka reproduksi Italia disajikan pada Gambar 4.3. Penulis juga membahas keterbatasan model SIR dan menyarankan adanya perbaikan model dengan pendekatan stokastik.



Gambar 4.3 Estimasi angka reproduksi efektif menggunakan Metode 1 (garis putus-putus) dan Metode 2 (bintang). Garis-garis tersebut harus dibagi menjadi dua bagian setelah diberlakukannya *lockdown* nasional di Italia.

Selain R_0 , terdapat parameter penting lain yang jarang digunakan karena memerlukan data spesifik, yaitu k atau **parameter dispersi**. Parameter ini mengukur tingkat variasi dalam jumlah penularan yang terjadi oleh setiap individu terinfeksi dan membantu mengidentifikasi adanya fenomena ***superspreading***, di mana sebagian kecil individu bertanggung jawab atas sebagian besar kasus penularan.

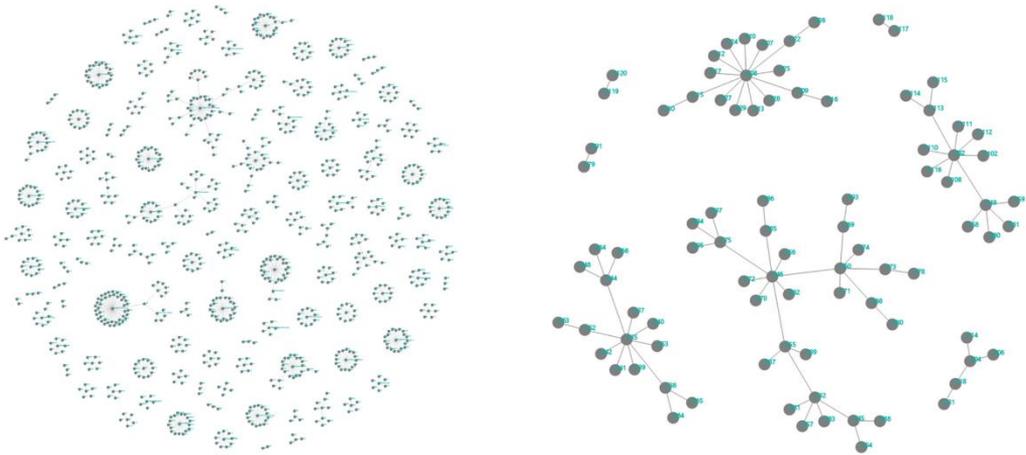
Di awal masa transmisi COVID-19 di Indonesia, melalui kerja sama yang baik antara pihak kesehatan masyarakat dan tim analisis data, nilai k ini berhasil diturunkan. Hasil ini memberikan indikasi adanya peristiwa ***superspreading***, di mana beberapa individu menyebabkan penularan yang jauh lebih banyak dibandingkan rata-rata, berperan penting dalam penyebaran cepat virus selama fase awal pandemi.

Fenomena ini sangat krusial untuk diidentifikasi agar langkah-langkah intervensi yang tepat, seperti pelacakan kontak yang lebih intensif dan pengendalian kluster, dapat dilakukan untuk menekan penyebaran lebih lanjut.

Artikel yang memuat hal tersebut ditulis oleh A. Hasan, H. Susanto, M. Kasim, N. Nuraini, B. Lestari, D. Triany, W. Widyastuti, dengan judul *Superspreading in Early Transmissions of COVID-19 in Indonesia*, yang dimuat di jurnal *Scientific Reports*, volume 10, (2020).

Dalam bahasan ini berfokus pada pemahaman dinamika penyebaran COVID-19 di Indonesia, khususnya peran peristiwa *superspreading*. *Superspreaders* adalah individu yang bertanggung jawab atas sejumlah besar infeksi sekunder. Penulis menganalisis data dari kasus COVID-19 awal di wilayah Jakarta-Depok dan Batam, dengan menggunakan 1.288 kasus yang dikonfirmasi untuk mengestimasi angka reproduksi dasar (R_0) dan parameter overdispersi (K).

Hasil penelitian menunjukkan adanya variasi signifikan dalam penularan, dengan nilai R_0 sebesar 6,79 di Jakarta-Depok dan 2,47 di Batam, menunjukkan tingkat penularan yang lebih tinggi di wilayah ibu kota. Parameter overdispersi (K) ditemukan sangat rendah (0,06 di Jakarta-Depok dan 0,2 di Batam), yang mengindikasikan bahwa sejumlah kecil individu bertanggung jawab atas sebagian besar penyebaran. Temuan ini menyoroti pentingnya peristiwa *superspreading* dalam tahap awal wabah dan perlunya isolasi cepat serta identifikasi kasus untuk mengendalikan penyebaran.



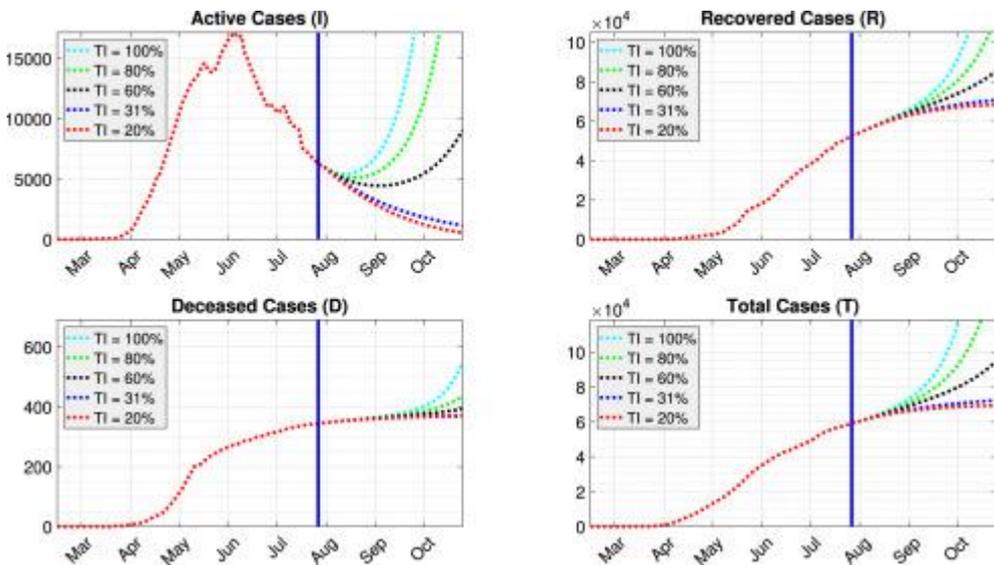
Gambar 4.4 Jaringan infeksi sekunder berdasarkan transmisi lokal di wilayah Jakarta–Depok (kiri) dan Batam (kanan).

Lebih jauh penerapan kajian ini digunakan untuk mengukur kesuksesan intervensi seperti pada artikel yang ditulis oleh A. Hasan, E. Putri, H. Susanto, N. Nuraini, dengan judul *Data-driven modeling and forecasting of COVID-19 outbreak for public policy making*, dan berhasil terbit di jurnal *ISA Transaction*, (2021).

Makalah ini menyajikan pendekatan berbasis data untuk pemodelan dan proyeksi wabah COVID-19, yang dapat digunakan oleh pembuat kebijakan

untuk mengendalikan pandemi melalui intervensi non-farmasi (NPI). Penulis menerapkan Extended Kalman Filter (EKF) pada model stokastik waktu-diskret untuk mengestimasi angka reproduksi efektif (R_t) yang bervariasi dari waktu ke waktu. Dalam makalah ini diperkenalkan indeks baru, yaitu *Transmission Index* (TI) atau indeks transmisi, untuk mengevaluasi efektivitas langkah-langkah kebijakan publik seperti menjaga jarak fisik dan karantina wilayah dalam mengendalikan penyebaran virus.

Studi ini menerapkan model tersebut di tiga negara: Uni Emirat Arab, Australia, dan Denmark, menggunakan data waktu nyata seperti kasus terkonfirmasi harian, kasus aktif, pasien sembuh, dan kematian. Proyeksi dilakukan untuk berbagai skenario kebijakan kesehatan dengan menyesuaikan TI untuk mencerminkan berbagai tingkat intervensi (misalnya, karantina total, atau karantina sebagian). Hasilnya menunjukkan bahwa dengan intervensi kebijakan yang tepat, penyebaran COVID-19 dapat dikendalikan secara efektif, sebagaimana ditunjukkan dalam studi kasus di ketiga negara tersebut. Model ini memberikan proyeksi jangka pendek hingga menengah yang berguna untuk mempersiapkan sistem kesehatan dan membimbing keputusan kebijakan di masa depan.



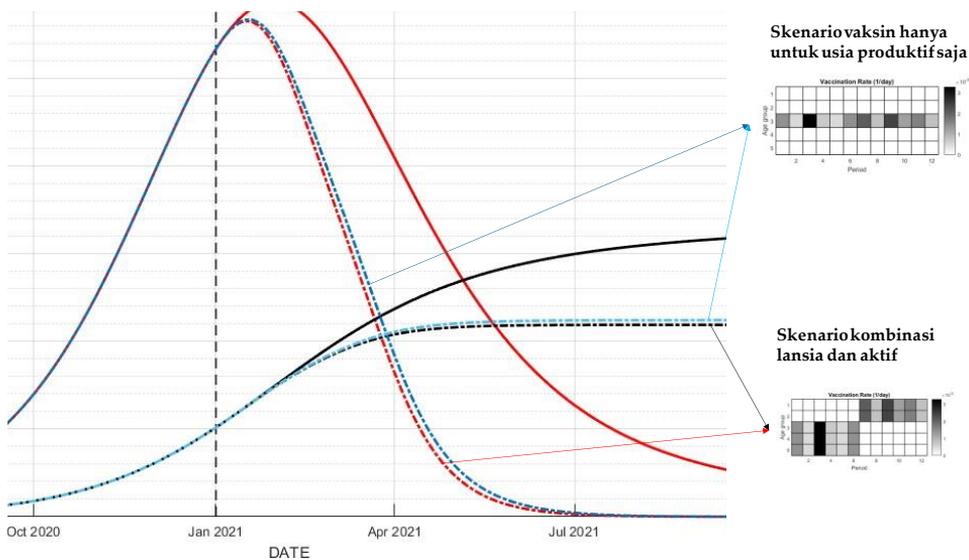
Gambar 4.5 Simulasi proyeksi kasus untuk 90 hari ke depan di Uni Emirat Arab.

Kemudian saat vaksin mulai tersedia, maka muncul beberapa pertanyaan dari pihak pemerintah dan kesehatan masyarakat terkait distribusi dan

strategi vaksinasi terbaik di tengah keterbatasan vaksin dan juga anggaran pemerintah, maka artikel yang ditulis oleh N. Nuraini, K. Khairudin, P. Hadisoemarto, H. Susanto, A. Hasan, N. Sumarti, berjudul *Mathematical Models for Assessing Vaccination Scenarios in Several Provinces in Indonesia*, yang terbit pada publikasi *Infectious Disease Modelling*, volume 6, 1236-1258, (2021).

Makalah ini membahas model matematika untuk mengevaluasi skenario vaksinasi dalam menghadapi pandemi COVID-19 di beberapa provinsi di Indonesia, yaitu Jakarta, Jawa Barat, dan Banten. Penulis mengembangkan model SIQRD (*Susceptible-Infected-Quarantine-Recovered-Death*) yang terstruktur berdasarkan kelompok usia, untuk memodelkan transmisi virus dan dampak vaksinasi.

Studi ini menilai berbagai skenario vaksinasi dengan mempertimbangkan kapasitas sistem kesehatan dan strategi optimal untuk meminimalkan jumlah kasus kematian dan infeksi. Hasil simulasi menunjukkan bahwa waktu mulai dan durasi vaksinasi sangat berpengaruh terhadap jumlah total korban jiwa, serta bahwa prioritas vaksinasi pada kelompok usia tertentu, terutama orang dewasa yang lebih tua (usia 50 tahun ke atas), akan memberikan dampak signifikan dalam mengurangi angka kematian.



Gambar 4.6 Simulasi vaksin kelompok usia muda, usia aktif, dan usia lanjut.

Simulasi vaksin diberikan secara bergiliran kepada kelompok usia aktif dan usia lanjut, kemudian dilanjutkan kepada kelompok usia muda, (garis biru) dengan skenario rencana pemerintah untuk hanya memvaksinasi kelompok usia aktif, hasilnya secara umum menunjukkan penurunan kasus dan pengurangan angka kematian yang signifikan jika menggunakan skenario pertama.

Penelitian ini memberikan wawasan bagi pembuat kebijakan dalam merencanakan program vaksinasi yang optimal di tengah keterbatasan fasilitas kesehatan dan sumber daya vaksin. Hasil penelitian ini sempat dipresentasikan di depan WHO SAGE untuk membahas bagaimana pemerintah Indonesia akan mengeksekusi program vaksinasi yang dijalankan saat keterbatasan jumlah vaksin dan prioritas struktur usia mana yang harus divaksin.

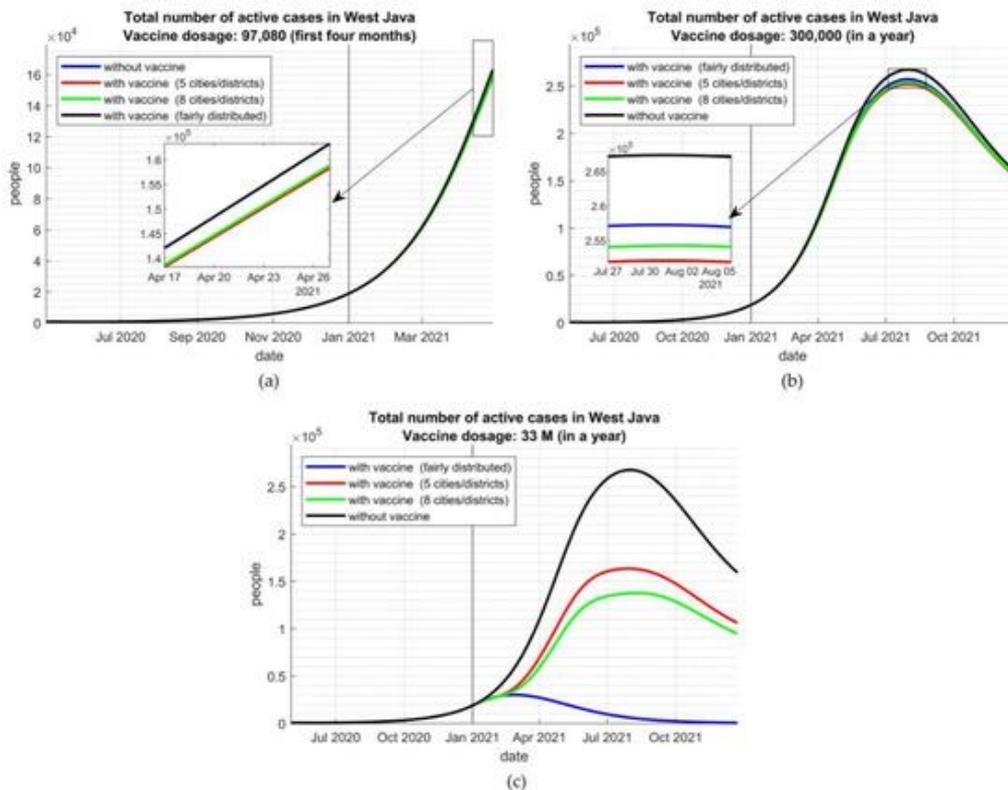
Sedangkan artikel A. Fuady, N. Nuraini, K. K. Sukandar, B.W. Lestari, *Targeted vaccine allocation could increase the COVID-19 vaccine benefits amidst its lack of availability: a mathematical modeling in Indonesia*, *Vaccines*, 9, 462, 2021, membahas penggunaan model matematika untuk menilai berbagai skenario distribusi vaksin COVID-19 di Indonesia, khususnya di Provinsi Jawa Barat, yang merupakan salah satu daerah dengan kasus COVID-19 tertinggi. Dengan keterbatasan jumlah vaksin, studi ini mengembangkan beberapa skenario distribusi vaksin, termasuk distribusi yang merata ke semua kota/kabupaten di Jawa Barat dan distribusi yang lebih ditargetkan ke daerah dengan kasus COVID-19 tertinggi.

Model yang digunakan adalah model SIQRD (*Susceptible-Infected-Quarantined-Recovered-Death*) yang menggambarkan penyebaran penyakit. Penulis juga mengkaji skenario waktu distribusi vaksin, yakni enam bulan dan satu tahun, serta jumlah tenaga kesehatan yang diperlukan untuk melakukan vaksinasi.

Hasil simulasi menunjukkan bahwa distribusi vaksin yang ditargetkan pada wilayah dengan beban kasus COVID-19 tertinggi dapat memberikan manfaat yang lebih besar dalam mengurangi jumlah kasus aktif, dibandingkan dengan distribusi yang merata. Meskipun demikian, keterbatasan jumlah vaksin yang tersedia menyebabkan pengurangan kasus yang relatif kecil. Penulis menyimpulkan bahwa kombinasi antara distribusi

vaksin yang ditargetkan dan peningkatan ketersediaan vaksin adalah strategi yang paling efektif untuk mengendalikan penyebaran COVID-19 di Jawa Barat.

Selain itu, dibutuhkan upaya luar biasa untuk meningkatkan kapasitas tenaga kesehatan dan infrastruktur untuk mendukung program vaksinasi, terutama di negara-negara berpenghasilan rendah dan menengah seperti Indonesia.

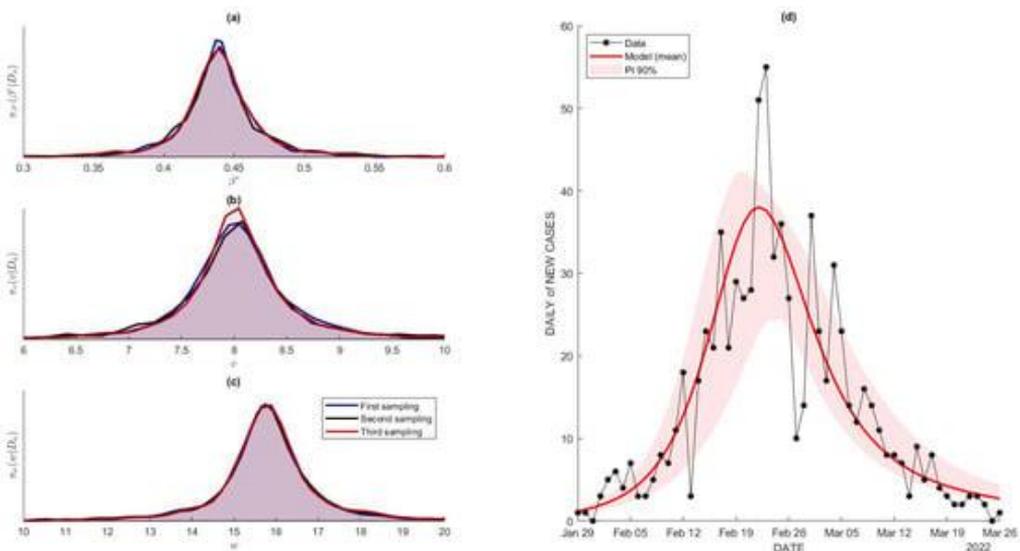


Gambar 4.7 Jumlah kasus aktif dengan beberapa skenario penyaluran vaksin yang diberikan (a) vaksin yang sangat kurang—97.080 dosis dalam empat bulan pertama, (b) 300.000 dosis dalam satu tahun, dan (c) vaksin optimal yang tersedia—33.000.000 dosis dalam satu tahun.

Pada periode awal pandemi sampai akhir tahun 2022, penulis tergabung aktif dalam satgas COVID-19 ITB yang secara kontinu setiap dua minggu sekali memberikan informasi terkait kondisi kasus terkini dan berbagai masalah terkait pembukaan kembali kampus. Hasil kajian selama bersama satgas diwujudkan sebagian pada publikasi dengan judul *Infectious Disease Modeling with Socio-Viral Behavioral Aspects—Lessons Learned from the Spread of SARS-CoV-2 in a university*, dan ditulis oleh Nuraini, N.; Sukandar, K.K.; Tahu,

M.Y.T.; Giri-Rachman, E.A.; Barlian, A.; Suhardi, S.H.; Pasaribu, U.S.; Yuliar, S.; Mudhakir, D.; Ariesyady, H.D.; et al. dalam jurnal Trop. Med. Infect. Dis. 2022.

Makalah ini membahas pemodelan penyebaran penyakit menular, khususnya COVID-19, dengan mempertimbangkan aspek perilaku sosial dan penularan virus melalui udara. Model yang digunakan didasarkan pada model SIR yang dimodifikasi untuk memasukkan jarak interaksi sosial serta konsentrasi patogen di udara. Studi kasus diterapkan pada penyebaran COVID-19 di Institut Teknologi Bandung (ITB) saat awal pembukaan kembali universitas pada tahun 2022.

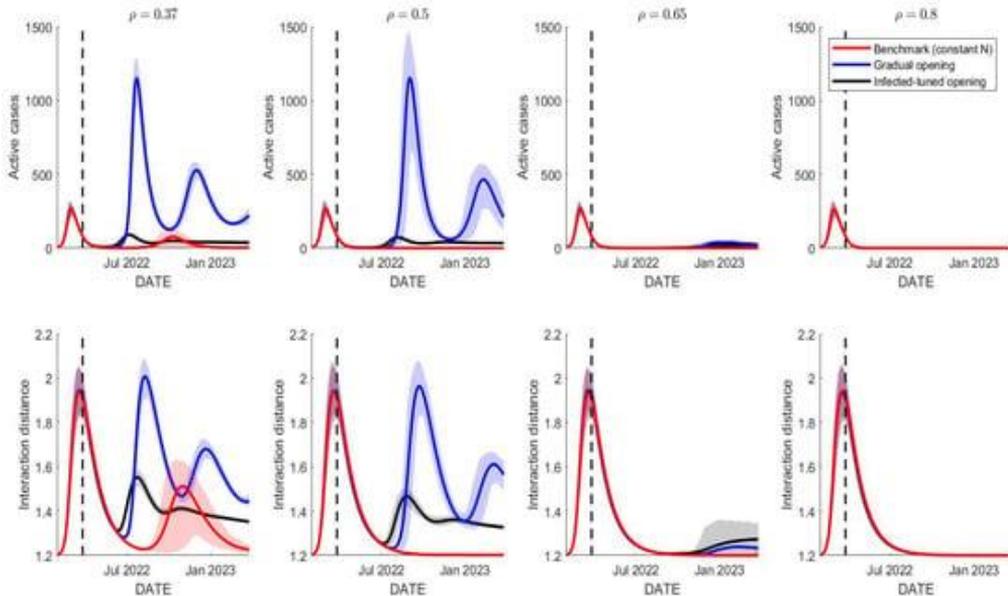


Gambar 4.8 (a–c) Distribusi posterior untuk parameter yang digunakan pada model (garis merah) (d) Perbandingan antara data (kasus baru harian dalam titik-titik hitam) COVID-19 di kampus ITB dan model dengan interval prediksi 90%.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa jarak interaksi sosial dan konsentrasi patogen memengaruhi laju penyebaran penyakit. Semakin dekat jarak interaksi, semakin tinggi kemungkinan penularan. Namun, konsentrasi patogen di udara juga memainkan peran penting, terutama di lingkungan dalam ruangan seperti sekolah atau kantor.

Studi ini juga mengevaluasi berbagai skenario untuk membantu proses pembukaan kembali sekolah, termasuk penerapan pembatasan sosial, disinfeksi, dan peningkatan cakupan serta efektivitas vaksin. Simulasi menunjukkan bahwa masyarakat dengan respons cepat terhadap prevalensi

penyakit dan kebiasaan menjaga jarak yang kuat cenderung mengalami jumlah kasus yang lebih rendah.



Gambar 4.9 Simulasi tiga skema pembukaan kembali sekolah dengan kemanjuran (*efficacy*) vaksin yang berbeda.

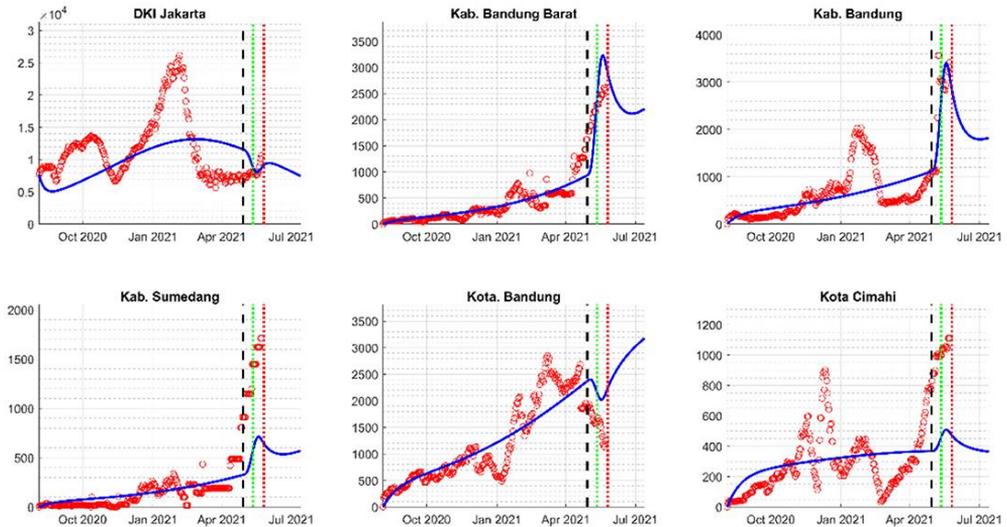
Peningkatan kemanjuran vaksin akan mengurangi jumlah kasus yang diharapkan. Kemanjuran vaksin tertinggi dalam menanggapi varian Omicron adalah sekitar 71%.

Kemudian penulis bersama litbanghub melakukan kajian efek mobilitas terhadap penyebaran COVID-19 saat mudik lebaran tahun 2021, yang terangkum pada artikel Aini W, Sukandar KK, Nuraini N and Handayani D, The Impact of Mass Exodus on the Resurgence of COVID-19 Cases: Case Study of Regions in Indonesia. *Front. Appl. Math. Stat.* 8:912150. (2022).

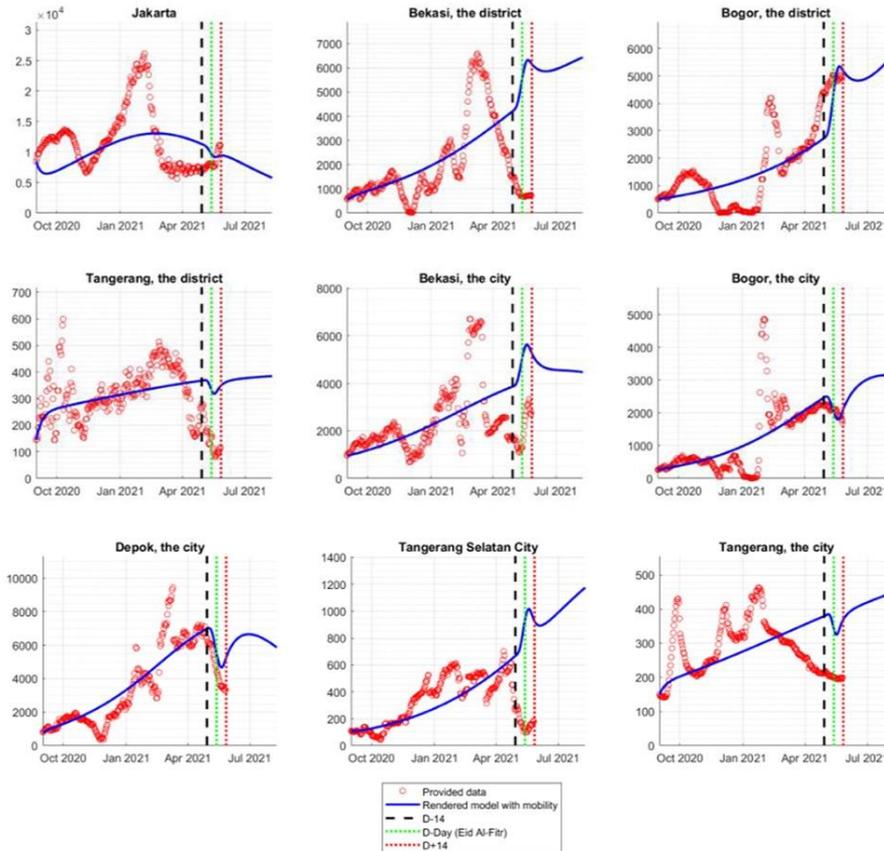
Makalah ini membahas dampak mudik massal pada peningkatan kembali kasus COVID-19 di beberapa wilayah di Indonesia, dengan fokus pada periode Idul Fitri 2021. Penelitian ini menggunakan model matematika SIQRD (*Susceptible, Infected, Quarantined, Recovered, Death*) multiregional yang memperhitungkan mobilitas manusia antarwilayah untuk memahami bagaimana pergerakan besar-besaran populasi memengaruhi penyebaran COVID-19. Formulasi dari kondisi mobilitas antarwilayah diberikan oleh Persamaan 4.1 berikut.

$$\begin{aligned}
\frac{dS_k(t)}{dt} &= \pi \widehat{N}_k(t) + \zeta R_k(t) - \left(\beta_k \frac{I_k(t)}{\widehat{N}_k(t)} + \eta v_k(t) + \mu \right) S_k(t) \\
&\quad + \sum_{j \neq k}^m (\alpha_{jk} S_j(t)) - \sum_{j \neq k}^m (\alpha_{kj}) S_k(t) \\
\frac{dI_k(t)}{dt} &= \beta_k \frac{I_k(t) S_k(t)}{\widehat{N}_k(t)} - (q + \mu) I_k(t) + \sum_{j \neq k}^m (\alpha_{jk} I_j(t)) \\
&\quad - \sum_{j \neq k}^m (\alpha_{kj}) I_k(t) \\
\frac{dQ_k(t)}{dt} &= q I_k(t) - (\gamma_k + \delta_k + \mu) Q_k(t) \\
\frac{dR_k(t)}{dt} &= \gamma_k Q_k(t) + \eta v_k(t) S_k(t) - (\zeta + \mu) R_k(t) \\
&\quad + \sum_{j \neq k}^m (\alpha_{jk} R_j(t)) - \sum_{j \neq k}^m (\alpha_{kj}) R_k(t) \\
\frac{dD_k(t)}{dt} &= \delta_k Q_k(t)
\end{aligned} \tag{4.1}$$

Penulis menemukan bahwa daerah aglomerasi perkotaan seperti Jakarta dan Depok mengalami penurunan jumlah kasus aktif selama mudik, sedangkan wilayah pedesaan seperti Kabupaten Bandung dan Kota Cimahi mengalami lonjakan. Hal ini disebabkan oleh perpindahan penduduk dari kota-kota besar ke daerah pedesaan selama periode mudik.



Gambar 4.10 Perbandingan data aktual dan model yang diestimasi di wilayah Jaakarta – Bandung-rya pada saat mudik tahun 2021.



Gambar 4.11 Perbandingan data actual (merah) dan model (biru) di Jakarta – Bogor – Depok – Tangerang - Bekasi saat mudik tahun 2021.

Simulasi menunjukkan bahwa mobilitas massal memberikan kontribusi signifikan terhadap penyebaran COVID-19 antara wilayah, dan penulis merekomendasikan pembatasan mobilitas sebagai upaya untuk menekan penyebaran virus. Studi ini memberikan wawasan bagi pengambil kebijakan dalam merancang kebijakan pembatasan mobilitas, terutama selama masa mudik atau liburan besar lainnya.

Menjelang akhir tahun 2022, mulai terlihat dampak pandemi terhadap penyakit lain, akibat masa karantina dan gaya hidup saat pandemi melalui kajian terkait penyakit DM dan TB pada makalah berikut, Nuraini, N.; Fauzi, I.S.; Lestari, B.W.; Rizqina, S. *The Impact of COVID-19 Quarantine on Tuberculosis and Diabetes Mellitus Cases: A Modelling Study. Trop. Med. Infect. Dis.* 2022, 7, 407.

Makalah ini membahas dampak karantina COVID-19 terhadap kasus tuberkulosis (TB) dan diabetes mellitus (DM) menggunakan pendekatan model matematika. Penulis mengembangkan model yang mencakup dinamika penularan COVID-19, TB, dan DM, dengan mempertimbangkan efek karantina pada peningkatan kasus TB dan DM.

Studi ini menggunakan data COVID-19 di Indonesia selama serangan varian Delta (Juni-September 2021) dan Omicron (Desember 2021-April 2022). Model menunjukkan bahwa karantina efektif menurunkan jumlah kasus COVID-19, tetapi meningkatkan jumlah penderita TB dan DM. Ini terjadi karena karantina rumah memfasilitasi penyebaran TB di antara anggota rumah tangga dan gaya hidup tidak sehat selama karantina meningkatkan risiko DM.

Penulis juga menyarankan beberapa strategi untuk mengurangi dampak negatif karantina terhadap TB dan DM, seperti meningkatkan kesadaran masyarakat tentang risiko TB dan mempromosikan gaya hidup sehat selama masa karantina. Hasil dari model ini memberikan wawasan bagi otoritas terkait untuk menyusun kebijakan yang lebih baik selama implementasi karantina untuk meminimalkan dampak buruknya terhadap kesehatan masyarakat

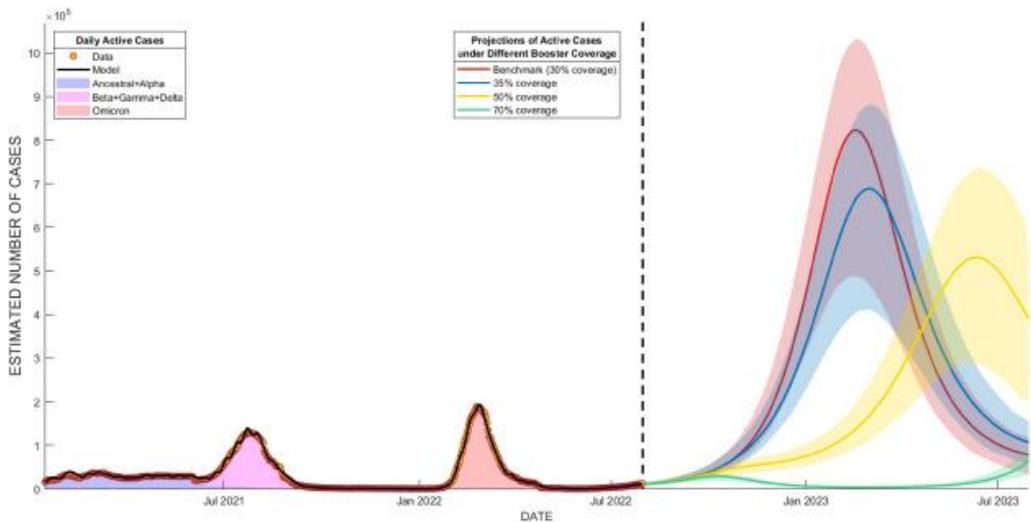
Pertanyaan selanjutnya yang perlu dijawab oleh pemodelan matematika menjelang masa peralihan pandemi ke *post* pandemi adalah apakah *booster* masih diperlukan, seberapa berpengaruh pada kondisi transmisi terutama di Jawa Barat, hal ini ada pada makalah N. Nuraini, F.N. Soekotjo, A. Alifia, K. K. Sukandar, and B.W. Lestari, *Assessing potential surge of COVID-19 cases and the need for booster vaccine amid emerging SARS CoV-2 variants in Indonesia: a modelling study from West Java*, Heliyon, 9, September 2023.

Makalah ini mengevaluasi kebutuhan cakupan vaksin booster untuk mencegah lonjakan kasus COVID-19 di Indonesia, khususnya di Jawa Barat, di tengah munculnya varian baru SARS-CoV-2. Menggunakan model SEIR yang dimodifikasi, penulis memprediksi jumlah kasus aktif berdasarkan cakupan vaksin booster sebesar 35%, 50%, dan 70%.

Hasil menunjukkan bahwa untuk mengurangi 90% kasus COVID-19 yang berpotensi terjadi di tahun 2023, diperlukan minimal cakupan vaksin *booster* sebesar 70%. Program vaksinasi ini harus selesai sebelum Februari 2023 untuk

mencapai efek pencegahan yang optimal. Jika ada penundaan dalam pelaksanaan, cakupan booster yang lebih tinggi akan dibutuhkan untuk mengimbangi waktu yang hilang.

Makalah ini juga menekankan pentingnya dukungan pemerintah dalam memastikan ketersediaan stok vaksin, infrastruktur penyimpanan yang memadai, dan tenaga kesehatan yang cukup untuk melaksanakan program vaksinasi *booster*. Dengan perencanaan yang baik, lonjakan kasus COVID-19 di masa mendatang dapat dihindari.



Gambar 4.12 Proyeksi kasus aktif COVID-19 dari awal Agustus 2022 hingga akhir Juli 2023. Proyeksi tersebut sesuai dengan kasus aktif harian aktual (garis hitam, Januari 2021 hingga Juli 2022).

Garis merah mewakili skenario *benchmark* (cakupan 30%), sedangkan garis biru, kuning, dan hijau menggambarkan proyeksi total cakupan *booster* masing-masing sebesar 35%, 50%, dan 70%. Area berwarna adalah interval kepercayaan 90% untuk setiap skenario dengan warna yang sama.

5 MODEL PENYEBARAN PENYAKIT SETELAH PANDEMI

Setelah pandemi mereda, maka mulai muncul fakta-fakta kenaikan data dari kasus-kasus penyakit lain, terutama penyakit yang terkait virus dan menyerang pernapasan (misalkan Infeksi Saluran Pernapasan Atas (ISPA)). Dalam bagian ini akan dibahas dua topik terkait hal ini, yang pertama adalah hasil penelitian yang ditulis oleh Yuki Novia Nasution, Marli Yehezkiel Sitorus, Kamal Sukandar, Nuning Nuraini, Mochamad Apri & Ngabila Salama, dengan judul *The epidemic forest reveals the spatial pattern of the spread of acute respiratory infections in Jakarta, Indonesia*, dan dimuat pada jurnal Scientific Reports, volume 14, Article number: 7619 (2024). Sedangkan bagian kedua merupakan hasil dari penelitian yang dirangkum dari dua makalah sebagai berikut; Seprianus, Nuning Nuraini & Suhadi Widodo Saputro, *A Simple Modelling of Microscopic Epidemic Process with Two Vaccine Doses on a Synthesized Human Interaction Network*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 7, NO. 1, 2024, PP. 106-123. Serta, tulisan Seprianus, Nuning Nuraini & Suhadi Widodo Saputro, *A computational model of epidemic process with three variants on a synthesized human interaction network*, Scientific Reports, volume 14, Article number: 7470 (2024).

5.1 Model Penyebaran ISPA di Jakarta dengan Menggunakan Pendekatan Hutan Epidemik

Aspek spasial penting dilibatkan dalam pemodelan penyebaran penyakit misalnya jika ada pengaruh musiman pada penyebaran beberapa penyakit menular. Dalam Oyedotun dan Moonsammy (2020), Spassiani, dkk. (2021), dan Moazeni, dkk. (2022) dilakukan analisis spasial dan temporal secara terpisah. Analisis temporal menunjukkan variasi jumlah kasus dalam deret waktu sehingga dapat mengidentifikasi waktu saat terjadinya peningkatan jumlah kasus maupun sebaliknya, sedangkan analisis temporal menunjukkan variasi jumlah kasus pada wilayah terjadinya wabah sehingga dapat menjelaskan pola spasial setiap wilayah.

Pada penelitian ini akan dilakukan pemodelan aspek spasial dan temporal secara komprehensif, yaitu dengan memasukkan model temporal ke dalam model spasial melalui pendekatan hutan epidemik. Pendekatan ini telah

dilakukan dalam penelitian Li, dkk. (2019) dalam level individu. Dalam pendekatan ini, dilakukan spasialisasi pada model epidemik sehingga penyebaran dan sumber awal infeksi dapat teridentifikasi. Dalam pendekatan hutan epidemik, aspek temporal adalah waktu *onset* objek terkonfirmasi penyakit. Dengan demikian objek yang lebih dulu terinfeksi dapat teridentifikasi. Selanjutnya pada aspek spasial akan digunakan jarak spasial antarobjek. Dengan mengetahui jarak ini, arah penyebaran yang terjadi dapat ditentukan.

Model hutan epidemik diperkenalkan oleh Li, dkk. (2019) dengan pemodelan dilakukan pada level individu. Jika pemodelan hanya dilakukan pada level individu maka sulit untuk melaksanakan intervensi bagi pihak kesehatan masyarakat untuk mencegah penyakit menjadi wabah. Dalam penelitian ini akan dilakukan modifikasi pada model hutan epidemik Li, dkk. (2019) yaitu pemodelan akan dilakukan pada level wilayah. Dengan peningkatan objek penelitian menjadi level wilayah diharapkan dapat menyediakan informasi untuk kepentingan peringatan dini dan pencegahan wabah. Untuk mengakomodasi variasi jumlah kasus dalam level wilayah, aspek prevalensi kasus pada suatu wilayah akan dimasukkan ke dalam model. Aspek prevalensi ini akan digunakan untuk melihat arah penyebaran penyakit dalam level wilayah dengan asumsi bahwa wilayah dengan prevalensi kasus lebih besar akan menulari wilayah lain sehingga wilayah yang menjadi sumber awal penyebaran dapat diidentifikasi. Pada penelitian ini, aspek mobilitas dalam internal suatu wilayah tidak diperhatikan sedangkan aspek mobilitas antarwilayah akan dimodelkan menggunakan graf pohon. Dengan demikian pada penelitian ini akan dilakukan pendekatan hutan epidemik dengan menggunakan tiga aspek, yaitu temporal, spasial dan prevalensi kasus suatu wilayah.

Dengan tujuan aplikasi pendekatan model temporal dan spasial, dalam hal ini adalah model hutan epidemik, untuk menjelaskan penyebaran penyakit menular ISPA di Jakarta.

Hutan epidemik dan algoritmanya

Suatu pohon epidemik terbentuk melalui algoritma yang menghasilkan sumber infeksi yang mungkin untuk setiap kasus infeksi (Haydon, dkk., 2003). Pohon tersebut terdiri atas titik dan garis. Kasus infeksi direpresentasikan oleh titik sedangkan setiap garis merepresentasikan hubungan induk-anak

pada proses infeksi, yaitu induk menularkan infeksi kepada anak. Kandidat induk dari satu kasus anak adalah semua kasus yang muncul dalam area berjarak tertentu dari kasus anak tersebut dan terinfeksi lebih dulu dibanding kasus anak. Setiap kasus anak diasumsikan hanya memiliki satu induk. Akar pohon epidemik dinamakan sebagai kasus primer, yaitu kasus pertama yang muncul di awal penyebaran penyakit. Titik lain pada pohon adalah turunan dari kasus primer dan dinamakan sebagai kasus sekunder. Hutan epidemik terbentuk ketika terdapat beberapa kasus primer (Li, dkk., 2019).

Suatu kasus anak mungkin memiliki beberapa kandidat induk. Kekuatan hubungan antarkasus dievaluasi untuk mengeliminasi kandidat yang paling tidak mungkin menjadi induk. Kekuatan hubungan atau *strength of linkage* dihitung berdasarkan jarak spasio-temporal antara kasus anak dan setiap kandidat induk. Pada penelitian ini, prevalensi kasus pada setiap daerah juga dilibatkan pada perhitungan *strength of linkage*. Jarak spasio-temporal dan prevalensi menjadi ukuran kemungkinan terjadinya penularan antarwilayah. Penularan sangat mungkin terjadi ketika jarak spasio-temporal semakin kecil dan prevalensi wilayah semakin besar. Dengan demikian, terdapat tiga aspek dalam perhitungan kekuatan hubungan, yaitu jarak spasial, jarak temporal, dan prevalensi. Ketiga aspek ini memiliki satuan berbeda, sehingga digunakan metode *scaling* untuk menghilangkan satuan. Persamaan jarak spasio-temporal antara kasus anak dan kandidat induk ke- j diberikan sebagai berikut:

$$\tilde{D}_{s_j} = \frac{D_{s_j}}{D_{s_{min}}} \quad (5.1)$$

$$\tilde{D}_{t_j} = \frac{D_{t_j}}{D_{t_{min}}} \quad (5.2)$$

D_{s_j} dan D_{t_j} masing-masing adalah jarak spasial dan perbedaan waktu terjadinya infeksi pada kasus anak dan kandidat induk ke- j , sedangkan $D_{s_{min}}$ dan $D_{t_{min}}$ masing-masing menotasikan nilai minimum jarak spasial dan perbedaan waktu terjadinya infeksi antara kasus anak dan semua kandidat induk. Jarak spasial merepresentasikan jarak antara *centroid* masing-masing wilayah. Penggunaan *centroid* dalam menentukan jarak antarwilayah sebelumnya telah dilakukan oleh Ward, dkk. (2021) untuk menentukan jarak

antarindividu di kota berbeda dan Eggo, dkk. (2010) untuk membentuk pohon epidemik. Prevalensi dihitung untuk kandidat induk ke- j sebagai berikut:

$$\tilde{P}_j = \frac{P_j - P_c}{\arg \max_j \{ |P_j - P_c| \}} \quad (5.3)$$

P_j dan P_c masing-masing adalah prevalensi kandidat induk ke- j dan prevalensi kasus anak.

Pada penelitian ini, konsep hutan epidemik digunakan untuk memahami penyebaran penyakit menular pada skala wilayah. Algoritma 1 menyajikan langkah-langkah pembentukan hutan epidemik skala wilayah.

Algoritma 1.

Algoritma pembentukan hutan epidemik skala wilayah

Input: Waktu *onset*, koordinat geografis

Output: Hutan epidemik

Langkah-langkah:

- (1) Memilih sembarang kasus dan menetapkannya sebagai kasus anak.
- (2) Dengan mempertimbangkan posisi geografis, semua kasus bertetangga dengan kasus anak dinamakan sebagai Kandidat 1.
- (3) Memisahkan semua kasus pada Kandidat 1 yang memenuhi aturan waktu *onset* induk, bahwa waktu *onset* induk harus lebih awal dibanding anak. Kasus-kasus yang memenuhi aturan ini kemudian dinamakan sebagai Kandidat 2.
- (4) Menghitung nilai kekuatan hubungan (*strength of linkage*) yang dinotasikan sebagai *SoL* untuk setiap kasus j pada Kandidat 2 relatif terhadap kasus anak. Nilai *SoL* dihitung dengan persamaan berikut:

$$SoL(\tilde{D}_{s_j}, \tilde{D}_{t_j}, \tilde{P}_j) = W_s \cdot \frac{1}{\tilde{D}_{s_j}} + W_t \cdot \frac{1}{\tilde{D}_{t_j}} + (1 - W_s - W_t) \tilde{P}_j \quad (5.4)$$

\tilde{D}_{s_j} , \tilde{D}_{t_j} , dan \tilde{P}_j terdapat pada Persamaan (5.1)-(5.3), sedangkan W_s dan W_t masing-masing adalah bobot yang diberikan pada komponen spasial dan temporal.

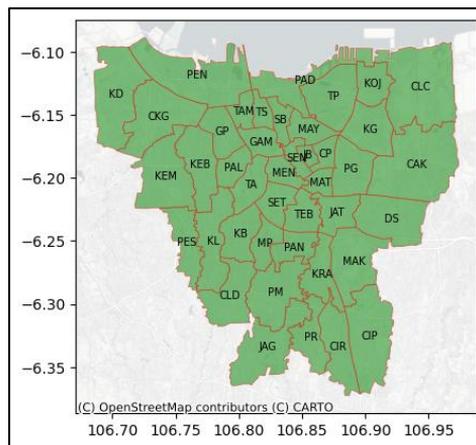
- (5) Memilih suatu kasus yang memiliki nilai *SoL* terbesar sebagai induk dari kasus anak.
- (6) Langkah (1) hingga (5) diulangi untuk semua kasus anak.

- (7) Suatu pohon terbentuk ketika semua kasus anak sudah menemukan induknya.
- (8) Menentukan kasus primer, yaitu kasus yang menjadi sumber awal penyebaran penyakit. Pada pohon yang terbentuk, kasus primer adalah akar dari pohon.
- (9) Suatu hutan epidemik terbentuk ketika terdapat lebih dari satu kasus primer.

Pada penelitian ini, konsep hutan epidemik akan diaplikasikan pada penyebaran kasus ISPA antarwilayah di Provinsi Daerah Khusus Jakarta.

Studi Kasus ISPA Jakarta

Provinsi Daerah Khusus Jakarta terletak di $5^{\circ}12'S - 6^{\circ}22'S$ dan $106^{\circ}23'E - 106^{\circ}58'E$ dan melingkupi total area 664.01 km^2 . Kepadatan penduduk di Provinsi ini mencapai $15,978$ jiwa per m^2 pada tahun 2021. Wilayah ini terdiri atas 44 kecamatan, 5 kota, dan 1 kabupaten. Berdasarkan lokasi geografis kecamatan di Provinsi DK Jakarta, wilayah studi kasus terdapat pada Gambar 5.1.

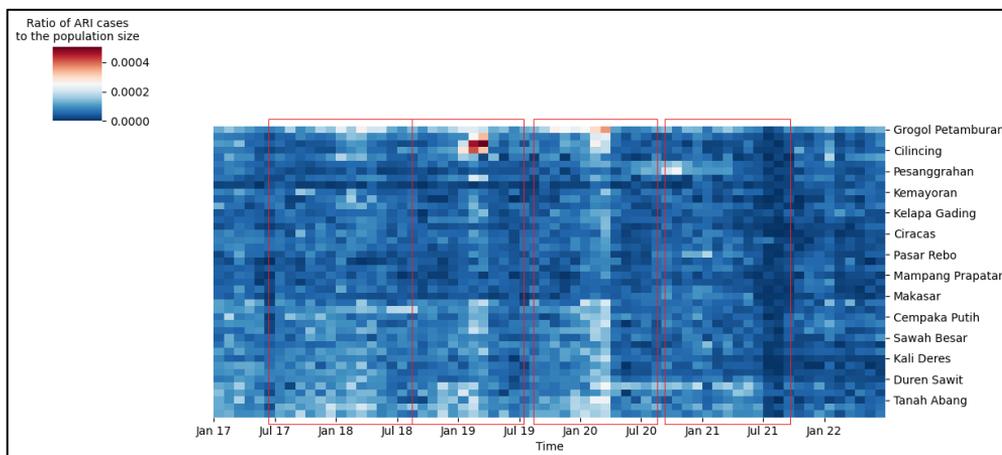


Gambar 5.1 Peta kecamatan pada Provinsi Daerah Khusus Jakarta.

Data pada studi kasus adalah angka infeksi pneumonia dan influenza per bulan pada 42 kecamatan dan jumlah populasi penduduk pada periode 2017-2021. Data kasus infeksi berasal dari dua sumber fasilitas kesehatan, yaitu rumah sakit dan pusat kesehatan masyarakat (puskesmas).

Identifikasi Periode Terjadinya Wabah

Selanjutnya akan diidentifikasi periode terjadinya wabah pada setiap kecamatan. Pada penelitian ini, adanya lonjakan jumlah kasus menandakan terjadinya wabah. Proses identifikasi periode wabah dilakukan dengan menghitung rasio kasus ISPA terhadap jumlah populasi. *Hierarchical clustering* diaplikasikan menggunakan metode *average linkage* dan ukuran jarak Euclidean untuk mengelompokkan kecamatan berdasarkan keserupaan dalam jumlah kasus. Hasil *cluster* disajikan dalam suatu *heat map* yang terdapat pada Gambar 5.2.



Gambar 5.2 Wabah ISPA teridentifikasi berlangsung secara musiman berdasarkan *heat map*.

Berdasarkan Gambar 5.2, secara visual diperoleh empat periode wabah ISPA yang ditandai oleh kotak merah. Periode tersebut adalah (1) periode 1: Juli 2017-Juli 2018, (2) periode 2: Agustus 2018-Juli 2019, (3) periode 3: September 2019-Agustus 2020, dan (4) periode 4: September 2020-September 2021. Untuk setiap periode, semua wilayah secara konsisten mengalami peningkatan kasus yang ditandai oleh perubahan dari *grid* berwarna biru hingga merah ketika mencapai puncak kasus, yang diikuti oleh penurunan kasus di akhir periode wabah. Dengan kata lain, insidensi ISPA mengikuti kurva berbentuk Gaussian yang berpusat pada waktu puncak terjadinya wabah. Diperoleh bahwa periode pertama berlangsung selama 14 bulan, sedangkan tiga periode lainnya secara konsisten berlangsung selama 11-12 bulan yang mengindikasikan adanya wabah ISPA tahunan.

Sebagai tambahan, Gambar 5.2 menunjukkan bahwa sejumlah daerah secara konstan memiliki jumlah kasus yang lebih banyak dibandingkan daerah lain pada semua periode, antara lain daerah Makasar, atau suatu *cluster* kecil pada bagian atas *heat map*. Lebih khusus pada tiga periode pertama, bagian daerah tersebut mengalami peningkatan jumlah kasus lebih awal dibandingkan daerah lainnya yang ditandai oleh *grid* berwarna putih pada awal setiap periode. Hasil ini mengindikasikan bahwa sejumlah wilayah yang mengalami wabah lebih awal berpotensi menularkan infeksi ke wilayah yang bertetangga.

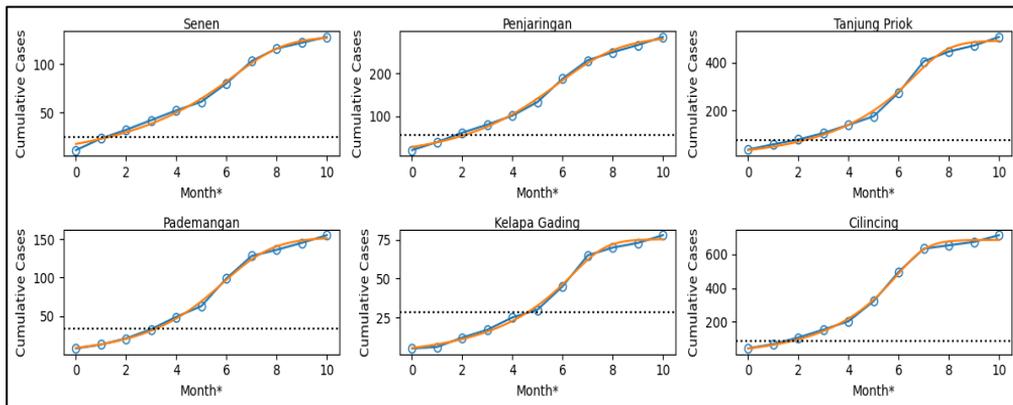
Penentuan Waktu *Onset* Wabah

Pada penelitian ini, diasumsikan bahwa suatu wilayah dikategorikan sebagai wilayah yang terinfeksi jika jumlah kumulatif kasus ISPA melewati nilai batas. Dalam hal ini, nilai batas ditetapkan sebesar 20 kasus per 100,000 populasi. Dengan kata lain, suatu wilayah dikategorikan terinfeksi wabah ISPA jika total jumlah kasus per periode melebihi 0.02% dari total populasi. Waktu *onset* untuk setiap wilayah terinfeksi ditetapkan sebagai waktu pertama kali munculnya wabah. Konsep *onset* untuk wilayah ini serupa dengan konsep untuk kasus individu, yaitu waktu *onset* didefinisikan sebagai waktu pertama kali individu tersebut menunjukkan gejala penyakit (Awofisayo-Okuyelu dkk., 2016; Qin, dkk., 2020).

Selanjutnya, jumlah total kasus ISPA per periode dihitung dan hasil kurva jumlah kasus ini menunjukkan adanya kecenderungan kurva berbentuk S di semua wilayah. Persamaan eksplisit untuk data kasus kumulatif diperoleh menggunakan kurva Richards. Waktu *onset* terjadinya wabah untuk setiap wilayah ditentukan secara langsung dengan mengidentifikasi perpotongan antara kurva Richards dan garis batas. Untuk setiap periode, nilai estimasi waktu *onset* ini bernilai 0 atau bilangan bulat positif, dengan waktu *onset* 0 merepresentasikan wilayah dengan *onset* wabah paling awal.

Gambar 5.3 menampilkan kurva perbandingan antara jumlah kasus kumulatif ISPA dan kurva Richards untuk enam wilayah yang terobservasi pada Periode 2. Berdasarkan gambar dapat diamati bahwa kurva Richards memiliki perilaku yang sama dengan data aktual sehingga memungkinkan untuk mengestimasi waktu *onset* wabah. Jika dibandingkan dengan lima wilayah terobservasi lain, Kecamatan Kelapa Gading dan Pademangan memerlukan waktu yang lebih lama agar jumlah kasus melebihi nilai batas.

Hal ini mengindikasikan bahwa wabah terjadi lebih lambat pada kedua kecamatan tersebut. Sebaliknya, meskipun Kecamatan Cilicincing memiliki nilai batas yang lebih tinggi, yaitu 85 kasus, namun kumulatif kasus meningkat tajam dan melebihi nilai batas dalam kurun dua bulan pertama. Berdasarkan hasil pada enam wilayah, diperoleh perbedaan pada waktu *onset* yang mengindikasikan bahwa beberapa daerah dapat menularkan wabah ke daerah lainnya.



Gambar 5.3 Penentuan waktu *onset* wabah di enam wilayah pada Periode 2.

Konsep hutan epidemik digunakan untuk membentuk pola spasial dengan memanfaatkan waktu *onset* yang telah diperoleh. Pola spasial direpresentasikan melalui graf berbentuk pohon yang menunjukkan proses penyebaran penyakit pada sekumpulan wilayah. Pada penelitian ini diasumsikan bahwa suatu daerah dapat menginfeksi daerah lain, dengan daerah yang menularkan disebut sebagai induk dan daerah yang tertular disebut sebagai anak. Selain waktu *onset*, terdapat tiga aspek yang ditambahkan untuk menentukan induk setiap wilayah, yaitu (1) jarak spasial, (2) jarak temporal, dan (3) prevalensi kasus. Ketiga hal ini masing-masing diboboti oleh W_s , W_t , dan W_p . Diasumsikan bahwa $W_s + W_t + W_p = 1$ dan bobot yang lebih besar mengindikasikan efek yang lebih besar dari aspek yang bersesuaian. Tabel 5.1 menunjukkan delapan kombinasi bobot yang dipilih berdasarkan pertimbangan adanya variasi dominasi bobot.

Namun dengan pertimbangan bahwa Daerah Khusus Jakarta merupakan wilayah metropolitan yang memiliki jaringan jalan raya dan sistem transportasi yang terbangun dengan baik sehingga bobot W_s untuk aspek

spasial dipilih menjadi aspek nondominan dibandingkan dua nilai bobot lain. Dengan demikian, dipilih kombinasi bobot yang memenuhi $W_s < 1/3$.

Tabel 5.1 Delapan kombinasi bobot W_s , W_t , dan W_p .

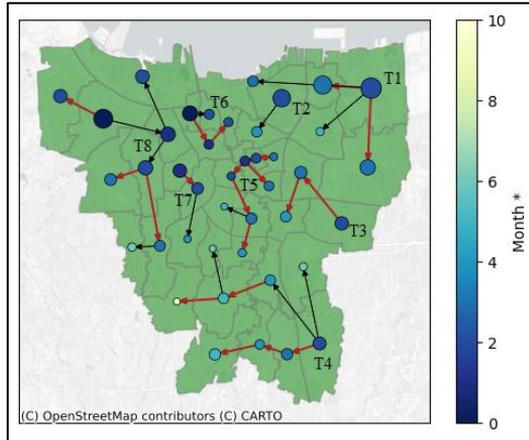
Kombinasi Bobot	Bobot jarak spasial (W_s)	Bobot jarak temporal (W_t)	Bobot prevalensi kasus (W_p)
1	1/3	1/3	1/3
2	0.10	0.45	0.45
3	0.45	0.10	0.45
4	0.25	0.50	0.25
5	0.15	0.70	0.15
6	0.45	0.45	0.10
7	0.25	0.25	0.50
8	0.15	0.15	0.70

Hasil Hutan Epidemik

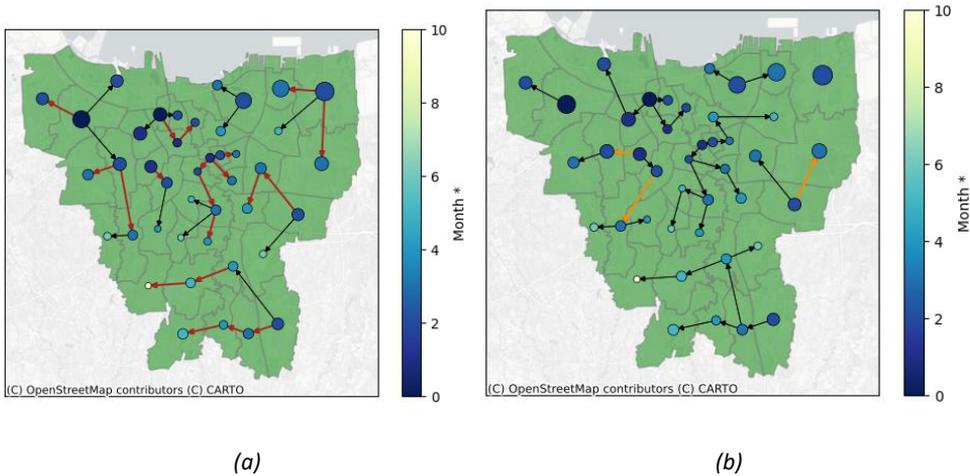
Gambar 5.4 menunjukkan hasil hutan epidemik untuk periode 2 dengan kombinasi bobot 2. Ukuran setiap titik pada gambar menunjukkan prevalensi kasus pada titik tersebut, yaitu semakin besar titik menunjukkan nilai prevalensi yang semakin besar. Warna setiap titik merepresentasikan waktu *onset* wabah, dengan warna biru yang semakin gelap menunjukkan waktu *onset* yang lebih awal, dan sebaliknya. Pada gambar diperoleh delapan pohon, yaitu T_1, T_2, \dots, T_8 Pohon yang dinotasikan sebagai T_5 memiliki anak paling banyak dibandingkan pohon lain. Pohon dengan karakteristik ini dinamakan sebagai pohon dominan (Li, dkk., 2019). Dapat diamati bahwa kasus primer pada pohon dominan memiliki ukuran titik yang lebih kecil dibanding titik lain. Hal ini menunjukkan bahwa ukuran penyebaran tidak hanya dipengaruhi oleh prevalensi. Sisi berwarna merah pada Gambar 5.4 menunjukkan himpunan garis yang selalu muncul pada semua kombinasi dengan $W_s < 1/3$. Himpunan sisi yang saling berhimpitan pada Gambar 5.4 akan menjadi acuan pada analisis selanjutnya dan disebut sebagai E^* .

Selanjutnya dilakukan analisis sensitivitas untuk aspek temporal dan prevalensi. Dalam hal ini, periode 2 akan digunakan sebagai ilustrasi. Hasil analisis sensitivitas pada kedua aspek ditunjukkan pada Gambar 5.5. Untuk aspek temporal, jika bobot W_t digantikan menjadi bobot nondominan, sebagai contoh pada kombinasi 3, maka E^* akan selalu muncul pada hutan epidemik yang ditunjukkan dengan garis merah pada Gambar 5.5. Hasil ini menunjukkan bahwa aspek temporal tidak sensitif karena perubahan pada bobot temporal tidak memengaruhi E^* . Untuk aspek temporal, jika W_p diganti

menjadi nondominan, sebagai contoh pada kombinasi 6, maka E^* tidak selalu muncul pada hutan epidemik. Hal ini menunjukkan bahwa terdapat sensitivitas terhadap perubahan pada W_p . muncul pada hutan epidemik. Hal ini menunjukkan bahwa terdapat sensitivitas terhadap perubahan pada W_p .



Gambar 5.4 Hasil hutan epidemik untuk Periode 2 dengan kombinasi bobot 2.



Gambar 5.5 Perbandingan hasil hutan epidemik antara aspek temporal pada (a) dan aspek prevalensi pada (b).

Berdasarkan analisis sensitivitas, bobot W_p yang relatif kecil dapat menghilangkan beberapa garis yang semestinya tetap ada pada E^* sebagaimana pada Gambar 5.5 (b) diperoleh sisi berwarna jingga yang tidak muncul pada E^* . Dengan demikian, diperoleh dua kombinasi yang memiliki nilai W_p relatif besar, yaitu kombinasi 7 dan 8. Kombinasi 7 dipilih sebagai

bobot untuk periode 2 dengan mempertimbangkan perbedaan antarbobot yang kecil. Kombinasi bobot terpilih untuk semua periode terdapat pada Tabel 5.2 dan hasil hutan epidemik untuk setiap periode ditunjukkan pada Gambar 5.6.

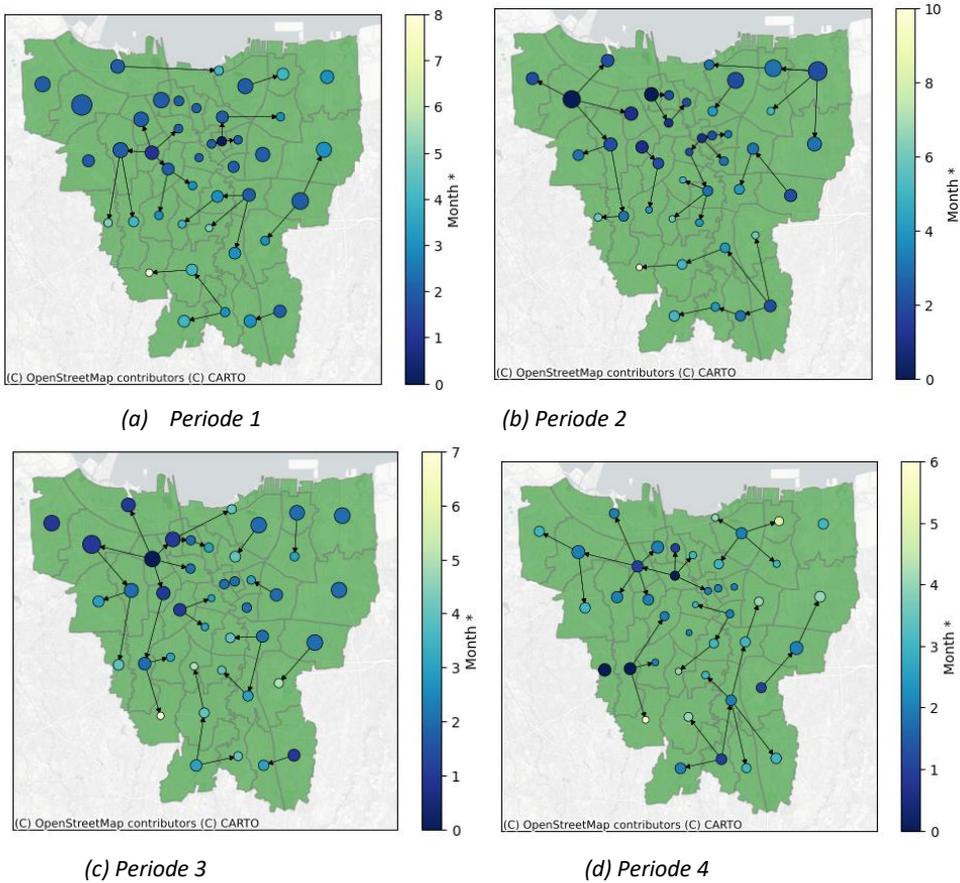
Tabel 5.2 Kombinasi bobot terpilih untuk perhitungan *SoL* pada setiap periode

Periode	W_s	W_t	W_p
1	0.15	0.15	0.70
2	0.25	0.25	0.50
3	0.25	0.25	0.50
4	0.25	0.25	0.50

Gambar 5.6 menunjukkan bahwa pada setiap periode, pohon dominan pada hutan yang terbentuk memiliki setidaknya delapan dari 42 kecamatan. Dapat diamati pula bahwa menjadi pohon dominan tidak selalu memiliki jumlah anak yang jauh lebih besar dibandingkan pohon lain. Sebagai contoh pada periode 2 pada Gambar 5.6 (b), pohon dominan memiliki delapan kasus anak sedangkan dua pohon lain memiliki tujuh kasus anak. Dalam hal ini terdapat selisih satu kasus anak antara pohon dominan dan nondominan. Pada periode 1 dan 3, kasus primer pada pohon dominan memiliki prevalensi tertinggi di antara semua pohon yang terbentuk, sedangkan di Periode 2 dan 4, kasus primer pada pohon dominan tidak memiliki prevalensi terbesar. Hal ini mengindikasikan adanya pengaruh musiman prevalensi terhadap penyebaran ISPA di Jakarta. Tabel 5.3 menampilkan karakteristik hutan epidemik yang terbentuk pada semua periode. Pada Tabel 5.3 dapat diamati bahwa tidak terdapat kecamatan yang secara konsisten menjadi kasus primer pada semua periode, terutama pohon dominan. Pada sepanjang empat periode, setiap pohon dominan memiliki akar berbeda. Periode 3 memiliki pohon terbanyak dan kasus anak terbanyak pada pohon dominannya.

Tabel 5.3 Karakteristik hutan epidemik yang terbentuk.

Periode	Jumlah pohon	Kasus primer pada pohon dominan	Jumlah kasus anak pada pohon dominan
1	8	Palmerah (PAL)	8
2	8	Senen (SEN)	8
3	9	Grogol Petamburan (GP)	14
4	6	Gambir (GAM)	11



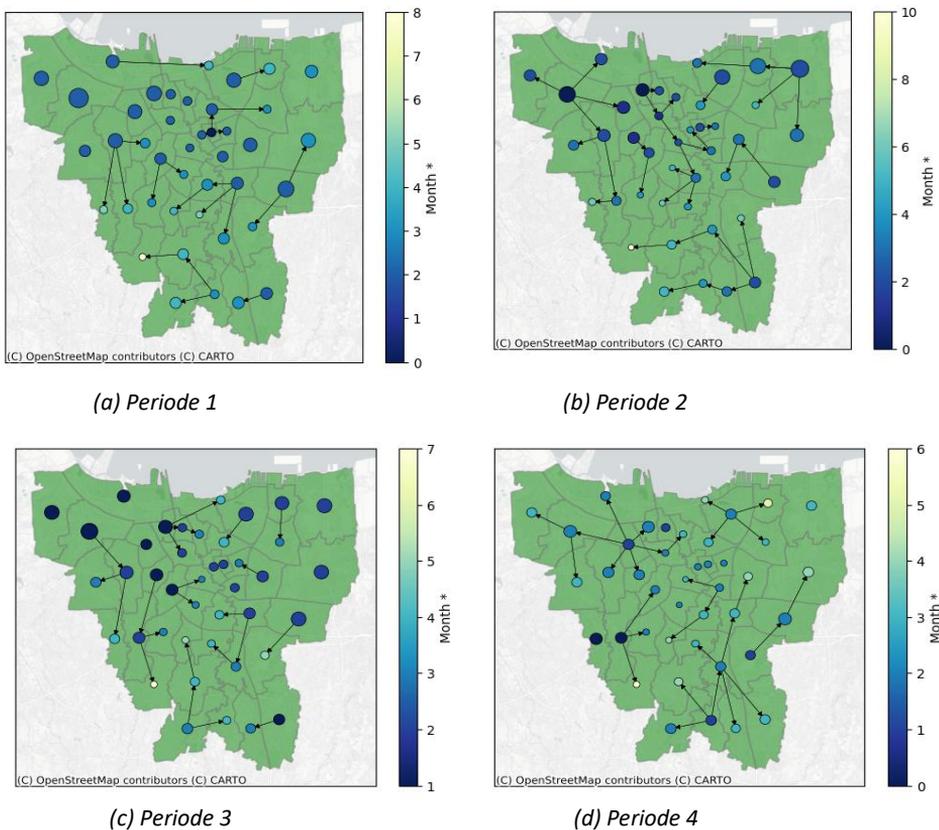
Gambar 5.6 Hasil hutan epidemik untuk semua periode.

Hutan epidemik di setiap periode pada Gambar 5.1.6 memberikan informasi bahwa terdapat kemunculan penyakit di beberapa wilayah secara konsisten. Dapat diamati bahwa pada semua periode, wabah dimulai di bagian Jakarta Barat yang ditandai oleh waktu *onset* yang lebih awal di wilayah tersebut. Berdasarkan hasil ini, dapat disarankan bahwa penanganan dan pencegahan wabah dapat diprioritaskan di Jakarta Barat.

Simulasi

Suatu simulasi dijalankan untuk kepentingan ilustrasi dengan kondisi menurunkan jumlah infeksi pada kasus primer di pohon dominan setiap periode. Jumlah infeksi diturunkan dengan proporsi 50%. Simulasi ini dapat memberikan gambaran pengaruh pencegahan pada kasus primer terhadap ukuran wabah. Tabel 5.4 menunjukkan hasil simulasi dengan skenario ini. Dapat diamati bahwa secara umum diperoleh lebih banyak pohon

dibandingkan hutan epidemik sebelumnya, namun jumlah kasus anak pada pohon dominan dapat dikurangi. Suatu pengurangan signifikan pada kasus anak di pohon dominan ditunjukkan pada Periode 3. Dengan skenario simulasi, Kecamatan Tambora menjadi kasus primer di pohon dominan pada dua periode. Hutan epidemik hasil simulasi pada setiap periode terdapat pada Gambar 5.7 Hasil ini menunjukkan bahwa perubahan pada hutan yang terbentuk muncul terutama pada wilayah di mana proporsi jumlah kasus yang berkurang, sedangkan pada wilayah lain menunjukkan pohon yang sama seperti pada hutan epidemik sebelumnya.



Gambar 5.7 Hasil hutan epidemik hasil simulasi untuk semua periode.

Tabel 5.4 Karakteristik hutan epidemik yang terbentuk dari simulasi

Periode	Jumlah pohon	Kasus primer pada pohon dominan	Jumlah kasus anak pada pohon dominan
1	9	Johar Baru (JB) dan Jatinegara (JAT)	4
2	8	Tambora (TAM)	10
3	11	Tambora (TAM)	4
4	6	Grogol Petamburan (GP)	9

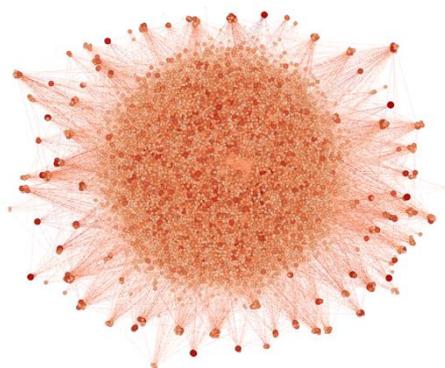
Pemodelan penyebaran penyakit menular menggunakan hutan epidemik telah dilakukan dan berhasil menemukan kasus primer penyebar penyakit pertama kali. Urgensi dalam penentuan kasus primer pada skala regional muncul untuk dapat memberikan informasi peringatan dini *early warning* mengenai penyebaran penyakit dan kemungkinan terjadinya wabah. Peringatan dini ini bertujuan meningkatkan kewaspadaan institusi kesehatan, terutama fasilitas kesehatan yang bertanggung jawab dalam pengobatan pasien pada skala wilayah terkecil sebagai upaya untuk mencegah terjadinya wabah.

5.2 Model Komputasi Proses Epidemik pada Jaringan Sintesis Interaksi Manusia

Setiap individu dalam populasi memiliki sejumlah berhingga koneksi dan intensitas interaksi sehingga akan terbentuk perilaku interaksi manusia. Dalam interaksi antarindividu, penularan penyakit dapat terjadi karena keterlibatan dua individu dalam jarak fisik yang cukup dekat, seperti melalui bersin, berjabat tangan, atau berhubungan seksual. Beberapa penyakit yang disebabkan interaksi antarindividu adalah influenza, COVID-19, TBC, dan sebagainya.

Memodelkan proses epidemik pada jaringan berdasarkan perilaku interaksi manusia dalam suatu populasi, sangat memungkinkan untuk menggambarkan penularan penyakit dalam skala individual (Y. Okabe and A. Shudo, 2022). Dengan model ini tidak hanya menggambarkan proses penularan penyakit dengan lebih realistis, tetapi juga memungkinkan untuk menyertakan tindakan intervensi secara individual dalam upaya membangun strategi efektif untuk pengendalian dan penekanan epidemik melalui simulasi-simulasi teoretis sehingga menjadi salah satu model epidemiologi dengan kekuatan prediktif yang lebih baik (Helena A. Herrmann and Jean-Marc Schwartz, 2020). Pada studi ini, dikembangkan sebuah model epidemik berbasis kontak dengan mempertimbangkan konektivitas dan intensitas interaksi manusia dalam konteks penyebaran penyakit. Dalam studi ini juga mempertimbangkan heterogenitas individu dalam suatu populasi, perilaku interaksi sosial individu terkait dengan penularan penyakit, serta melibatkan berbagai macam tindakan intervensi tanpa harus menambah kompartemen.

Model jaringan yang dibangun adalah berbasis graf, dengan setiap individu dalam suatu populasi dinyatakan sebagai himpunan titik atau verteks dan interaksi antarindividu dapat dinyatakan sebagai sisi. Jumlah sisi yang melekat pada satu titik disebut derajat yang merepresentasikan jumlah koneksi masing-masing individu. Sedangkan bobot yang diberikan pada sisi dapat diinterpretasikan sebagai intensitas interaksi antardua individu. Tahap-tahap membangun model komputasi proses epidemi pada jaringan sintesis interaksi manusia meliputi, (1) pembangunan jaringan sintesis interaksi manusia, (2) pembangunan model epidemi pada jaringan sintesis interaksi manusia, serta (3) proses mengakomodasi tindakan intervensi ke dalam model epidemi mikroskopis pada jaringan sintesis interaksi manusia.

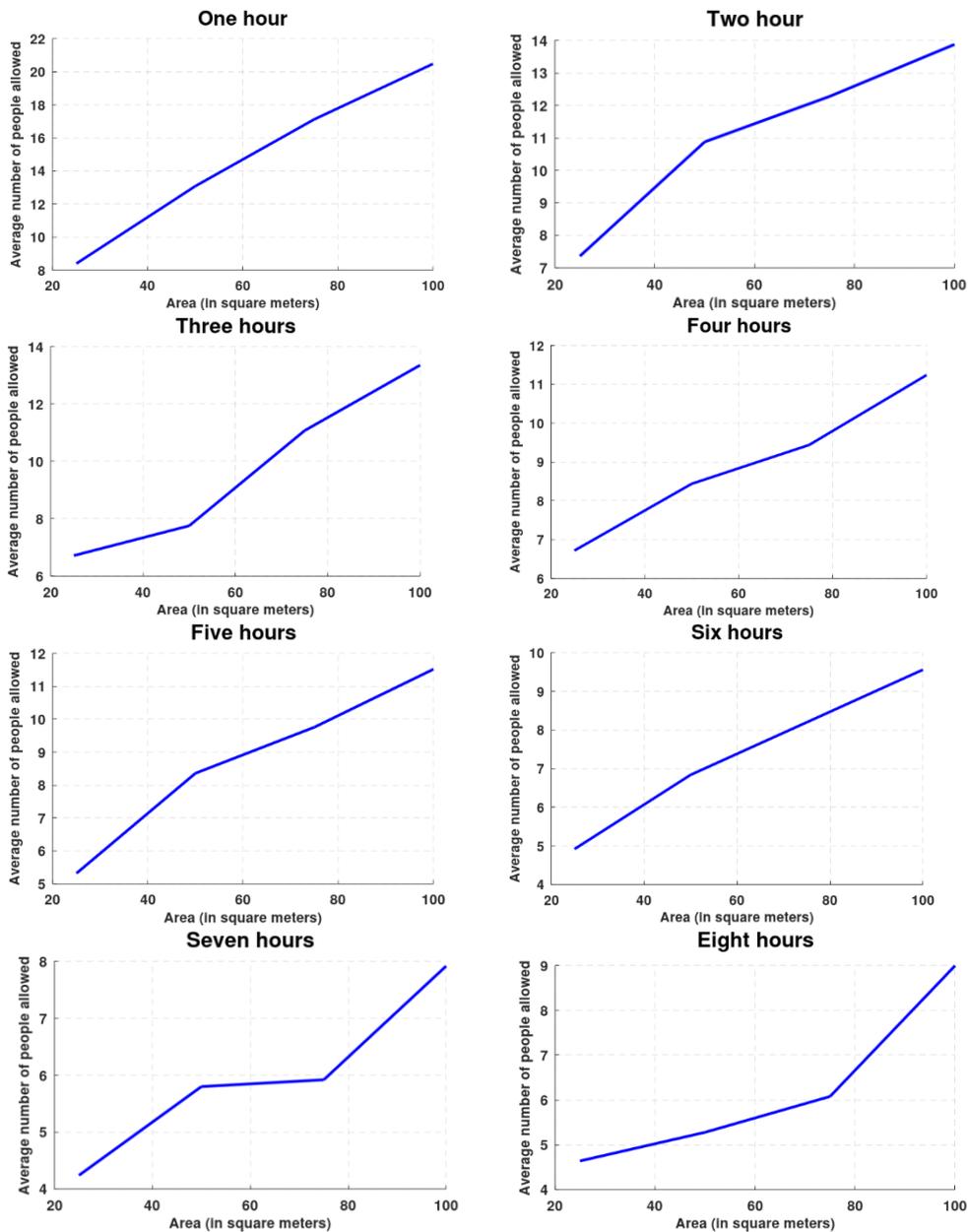


Gambar 5.8 Ilustrasi jaringan acak sintesis interaksi manusia. Verteks dengan warna yang lebih pekat mengindikasikan verteks yang memiliki derajat tinggi.

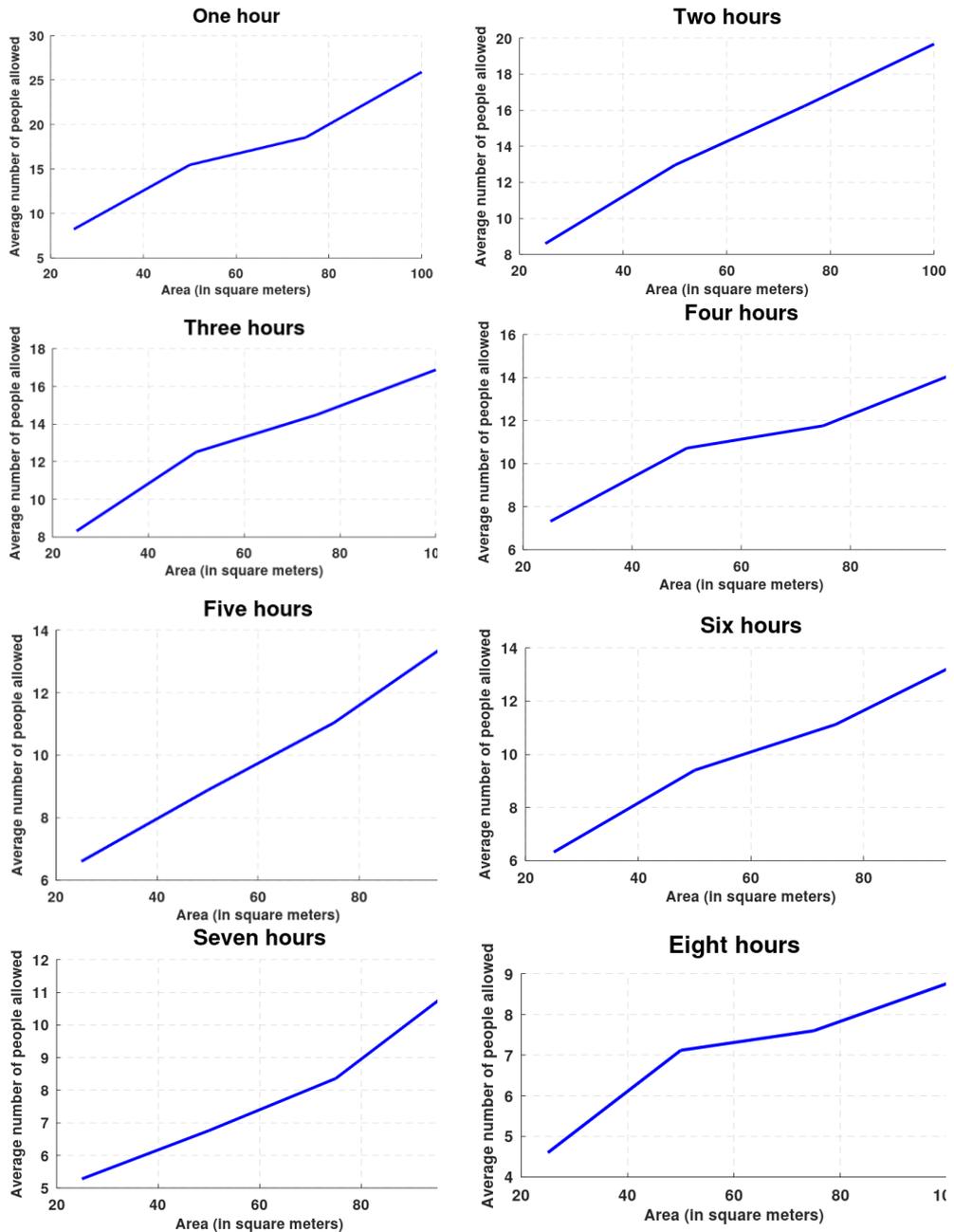
5.2.1 Pemodelan Penyebaran COVID-19 di Sekolah-Sekolah dan Tempat Kerja di Kota Bandung

Model jaringan ini mampu mengestimasi jumlah individu yang dapat ditampung dalam suatu ruangan dengan luas tertentu selama waktu okupansi dengan pilihan yang beragam. Selain itu, dalam studi ini juga dilakukan komparasi terhadap dua skenario, yaitu skenario tanpa penerapan tindakan non-farmakologis (Gambar 5.2.2) dan skenario yang menerapkan tindakan non-farmakologis (Gambar 5.2.3). Dapat dilihat bahwa penerapan tindakan non-farmakologis cukup berdampak pada penambahan jumlah individu yang dapat ditampung dalam suatu ruangan selama waktu okupansi tidak melebihi tujuh jam. Jika lebih dari tujuh jam, dua skenario tersebut hampir tidak memiliki perbedaan. Hal ini karena semakin lama waktu okupansi, semakin

besar pula kesempatan individu dalam ruangan berada dalam jarak penularan yang berakibat memperbesar peluang seseorang menularkan infeksi atau terinfeksi.



Gambar 5.9 Jumlah orang yang diperbolehkan berada pada masing-masing luas ruangan untuk skenario tanpa penerapan tindakan non-farmakologis.



Gambar 5.10 Jumlah orang yang diperbolehkan berada pada masing-masing luas ruangan untuk skenario yang menerapkan tindakan non-farmakologis.

Selain itu, dari studi ini ditemukan pula bahwa jumlah individu yang diperbolehkan menempati ruangan cukup memiliki hubungan yang linier terhadap luas ruangan. Namun, lamanya waktu okupansi berbanding terbalik dengan jumlah individu yang dapat ditampung dalam masing-masing pilihan

ruangan. Hal ini tertunjuk di mana jumlah individu yang paling banyak ditampung adalah dalam waktu okupansi satu jam. Hal ini cukup masuk akal karena dalam jangka waktu tersebut individu dapat dikatakan tidak berpindah tempat sehingga peluang individu tertular infeksi dapat dikatakan sangat kecil.

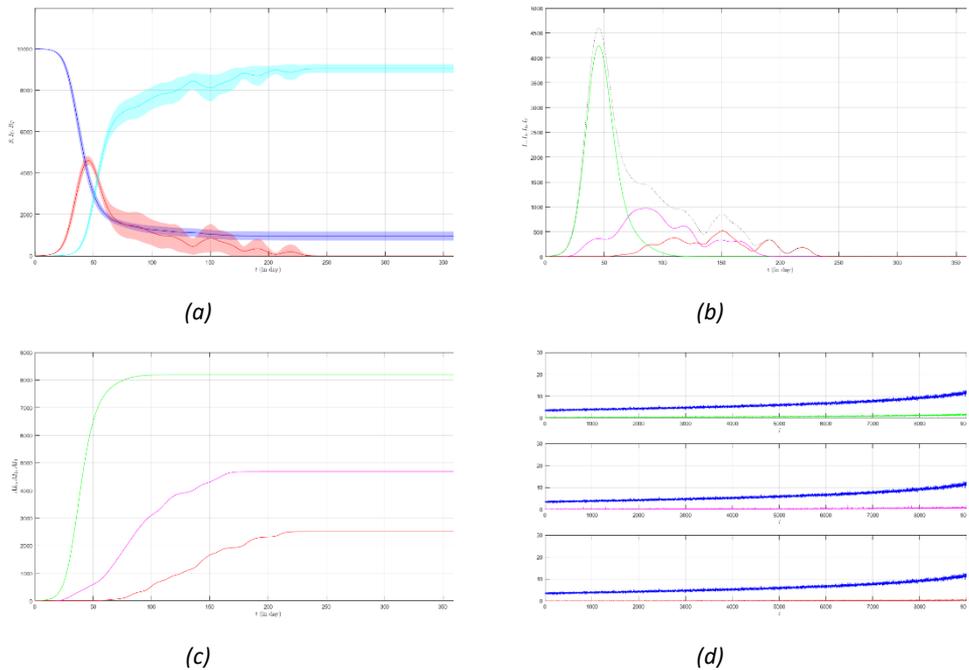
Hasil studi ini cukup dapat memberikan gambaran tentang situasi kembali pada kehidupan “normal” pada masa pandemi di mana sekolah, kampus, dan kantor-kantor kembali dibuka dengan batasan-batasan tertentu sesuai kebijakan dan protokol kesehatan.

5.2.2. Model Komputasi Proses Epidemologi dengan Tiga Varian pada Jaringan Sintesis Interaksi Manusia

Berdasarkan hasil simulasi dalam studi ini, dapat ditunjukkan bagaimana struktur jaringan berdampak sangat besar terhadap dinamika penyebaran penyakit pada jaringan dengan sedikit mungkin variasi dalam nilai parameter-parameter epidemiologi. Studi ini juga menunjukkan bahwa strategi mitigasi seperti tindakan pembatasan dapat diakomodasi dengan mereduksi nilai derajat rata-rata dan intensitas interaksi.

Pada studi ini, simulasi yang dilakukan adalah dengan memvariasikan derajat rata-rata \bar{k} dan intensitas atau frekuensi kontak ω . Variasi tersebut mampu merepresentasikan 4 skenario, yaitu model epidemi dengan tiga varian pada jaringan sintesis interaksi manusia (1) tanpa penerapan tindakan pembatasan, (2) dengan penerapan karantina mandiri tetapi tanpa penerapan jaga jarak, (3) tanpa penerapan karantina mandiri tetapi menerapkan jaga jarak, serta (4) dengan penerapan karantina mandiri dan jaga jarak.

Hasil simulasi dapat memberikan wawasan terkait bagaimana struktur jaringan sosial menentukan pola epidemi, seperti nilai puncak kurva infeksi dan waktu untuk mencapainya, laju peningkatan dan penurunan kurva infeksi, jumlah penyebaran infeksi, dan ukuran akhir epidemi. Pada Gambar 5.2.4 ditunjukkan skenario 1 dengan memberikan variasi dalam laju infeksi. Dari hasil simulasi, dapat dilihat bahwa kenaikan pada laju infeksi masing-masing varian juga meningkatkan total infeksi, yang pada gilirannya juga memperbesar bilangan penyebaran infeksi.

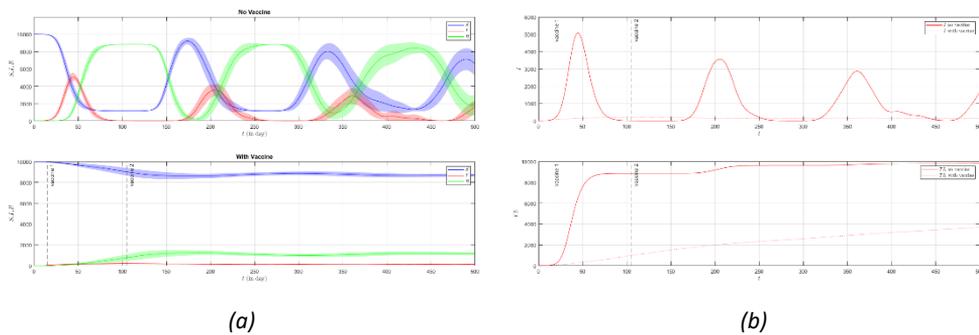


Gambar 5.11 Dinamika proses epidemi dengan tiga varian pada jaringan sintesis interaksi manusia untuk skenario 1 dengan kasus laju infeksi berbeda untuk masing-masing varian. (a) Evolusi waktu semua kompartemen dengan selang kepercayaan 95%, (b) plot rata-rata 100 sampel untuk masing-masing varian, (c) jumlah total infeksi dari semua varian, (d) perbandingan antara jumlah tetangga yang terinfeksi dengan derajat masing-masing titik.

5.2.3 Pemodelan Sederhana Proses Epidemi Mikroskopis dengan Dua Vaksin pada Jaringan Sintesis Interaksi Manusia

Model jaringan dibangun dengan menggunakan fitur konektivitas dan intensitas interaksi. Dengan model ini, keterkaitan yang kuat antara perilaku interaksi manusia dengan keberhasilan penerapan strategi tindakan intervensi seperti penerapan vaksinasi menjadi lebih jelas terlihat. Hasil studi ini menunjukkan bahwa distribusi vaksin, jumlah cakupan vaksinasi, dan waktu untuk memulai vaksinasi berperan besar dalam menekan epidemi. Simulasi dilakukan dengan menggunakan dua skenario dalam strategi vaksinasi, yaitu (1) vaksinasi dengan memilih beberapa individu secara acak dan (2) vaksinasi dengan menyasar hub-hub pada jaringan. Hub adalah individu-individu yang memiliki derajat atau tetangga sebanyak 14 atau lebih (Helena A. Herrmann and Jean-Marc Schwarts, 2020). Studi ini dapat membantu negara-negara yang memiliki keterbatasan untuk menentukan strategi vaksinasi yang tepat.

Dari studi ini, diperoleh bahwa mengkarakterisasi hub pada skenario 2 akan memberikan strategi vaksinasi yang lebih efektif dalam menekan epidemi. Misalkan ditentukan hub dengan derajat minimal 10, hasil simulasi diberikan pada Gambar 5.12. Dapat dilihat pada Gambar 5.12 (b) bahwa total infeksi yang terjadi dapat dikatakan kecil. Pada Gambar 5.12 (a) menunjukkan perbandingan antara proses epidemi dengan dan tanpa penerapan vaksin. Pemberian vaksin pada hub-hub dengan derajat 10 atau lebih, dapat mencakup lebih banyak titik-titik yang memiliki konektivitas tinggi. Dibandingkan dengan proses epidemi tanpa penerapan vaksin, vaksinasi pada kasus ini jelas efektif menekan epidemi seperti yang ditunjukkan pada Gambar 5.12 (b)/ (kanan bawah). Meskipun grafik total infeksi pada kasus ini terus naik dalam waktu yang lama, kenaikan ini dapat dikatakan sangat lambat.



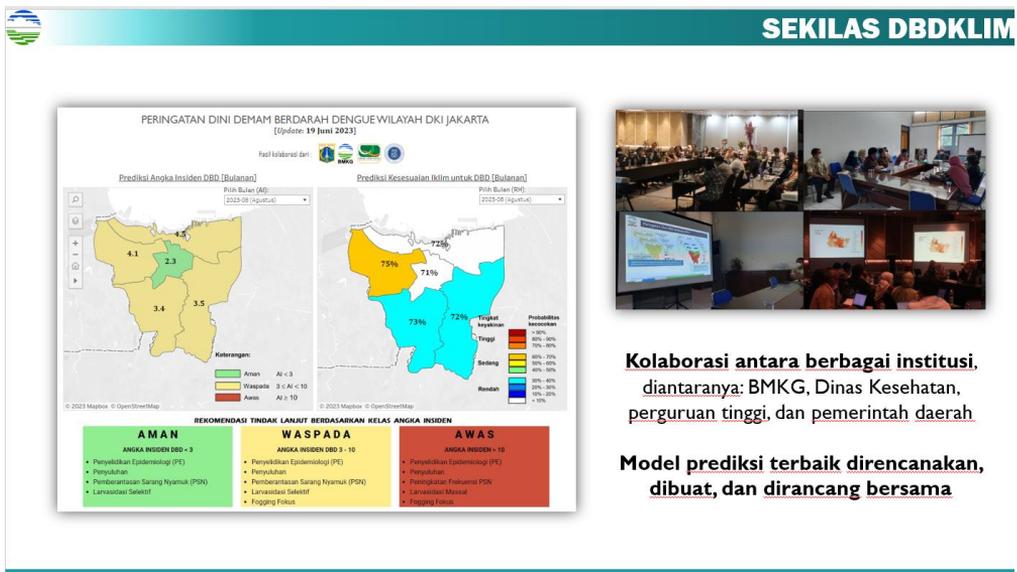
Gambar 5.12 (a) Dinamika proses epidemi skenario 2 dengan mengarakterisasi hub dengan derajat minimal 10, (b) rata-rata dari 100 plot infeksi (atas) dan jumlah total infeksi untuk kedua proses epidemi (bawah)

Dari beberapa hasil simulasi dalam studi ini, dapat diperoleh wawasan bahwa menargetkan vaksinasi pada titik yang memiliki konektivitas tinggi tidak hanya dapat menentukan strategi vaksinasi yang efektif, tetapi juga mencakup lebih sedikit titik-titik yang akan divaksinasi. Namun, perlu diperhatikan pula bahwa strategi ini akan efektif jika pemberian vaksin dilakukan di awal epidemi karena keterlambatan pemberian vaksin justru dapat memperbesar risiko meluasnya epidemi.

6 DBKLIIM

Dari cerita dan perjalanan panjang model matematika epidemiologi, kisah sukses yang perlu diceritakan pada buku orasi ilmiah ini adalah keberhasilan institut, lembaga pemerintah, pemerintah daerah, dan media setempat secara bersama membangun sistem peringatan dini demam berdarah dengue sejak tahun 2017 dan masih dipergunakan saat ini dan akan terus dikembangkan secara bersama-sama oleh pihak yang terlibat secara aktif di dalamnya.

Kerja sama ini dibangun dengan BMKG Jakarta, Dinas Kesehatan Jakarta, ITB dan pemerintah Provinsi Jakarta. Dari sisi pemodelan matematika, model yang digunakan awalnya dipilih yang sederhana, namun mulai dari yang sederhana ini sistem dikembangkan dan dampak yang ditimbulkan sangat baik. Melalui desain, produksi, pemeliharaan, dan kepemilikan bersama para pihak tersebut di atas, menjadi percontohan dan inspirasi untuk wilayah lain di Indonesia maupun di level regional Asia, bahkan internasional Tenggara untuk mengembangkan sistem yang sama.



Gambar 6.1 Profil singkat mengenai layanan DBDKLIM

Salah satu sistem utama yang dikembangkan adalah sistem prediksi angka insiden (AI) DBD, yang memberikan gambaran jumlah kasus per 100.000 penduduk. Prediksi ini dikategorikan dalam tiga tingkat risiko: Awas ($AI \geq 10$), Waspada ($3 \leq AI < 10$), dan Aman ($AI < 3$). Informasi ini digunakan oleh Dinas

Kesehatan Jakarta sebagai dasar tindakan preventif, termasuk edukasi masyarakat, fogging, dan pengendalian vektor untuk mencegah lonjakan kasus, dan membantu pemangku kepentingan dalam merencanakan langkah antisipatif terhadap peningkatan kasus DBD.

Dalam pengembangan sistem peringatan dini berbasis iklim ini, penulis dan tim berperan penting, terutama dalam pengembangan model proyeksi matematis. Bekerja sama dengan Tim BMKG, mengembangkan model proyeksi berbasis model deterministik dan juga model statistik yang memperhitungkan jumlah kasus DBD dalam beberapa bulan sebelumnya dan faktor-faktor iklim, khususnya kelembapan udara. Pemodelan ini didasarkan pada metode pembelajaran terarah (*supervised learning*), yang memungkinkan prediksi yang lebih akurat dan relevan dengan kondisi iklim lokal. Kolaborasi ini menunjukkan pentingnya keterlibatan akademisi dalam menyediakan basis ilmiah untuk sistem peringatan dini yang lebih kuat dan berbasis data.

Ke depan penulis dan tim akan pengembangan pendekatan yang mengintegrasikan pemodelan matematika dengan teknologi berbasis kecerdasan buatan (AI). Pendekatan ini dirancang untuk meningkatkan akurasi prediksi dan memperluas skala implementasi layanan iklim-kesehatan ke berbagai daerah dengan karakteristik iklim berbeda, seperti yang telah diujicobakan di Provinsi Bali.



Gambar 6.2 Implementasi DBDKLIM Bali

Dengan kontribusi yang signifikan dari tim ITB, terutama dalam bidang pemodelan matematika dan teknologi berbasis data, layanan DBDKlim diharapkan menjadi alat penting dalam mitigasi jangka pendek dan perencanaan jangka panjang untuk mengatasi wabah DBD di Indonesia. Kolaborasi antara BMKG, ITB, dan institusi lainnya menegaskan bahwa sinergi antara sektor akademisi, pemerintah, dan kesehatan sangat diperlukan untuk mengembangkan solusi yang efektif dan berdampak nyata bagi masyarakat. Di masa depan, diharapkan layanan prediksi DBD berbasis iklim dapat diperluas ke wilayah lain di Indonesia dengan karakteristik iklim yang berbeda, memperkuat respons kesehatan masyarakat terhadap risiko penyakit yang dipengaruhi oleh perubahan iklim.

7 PENUTUP

Sebagai penutup, buku ini menggarisbawahi pentingnya pendekatan ilmiah, khususnya melalui pemodelan matematika, dalam menghadapi tantangan epidemiologi dan kesehatan masyarakat yang terus berkembang. Selama lebih dari dua dekade, perjalanan ini telah memperlihatkan bagaimana matematika bukan hanya alat analisis, tetapi juga komponen kunci dalam pengambilan keputusan yang tepat guna. Melalui beragam model yang dikembangkan untuk berbagai penyakit, dari demam berdarah hingga COVID-19, terlihat bahwa pemahaman mendalam tentang dinamika penyakit sangat krusial untuk merancang kebijakan yang berbasis data dan mampu menekan dampak wabah di masyarakat.

Lebih jauh, kolaborasi lintas disiplin yang diwujudkan dalam pengembangan DBDKlim menunjukkan betapa pentingnya sinergi antara ilmu pengetahuan, teknologi, dan kebijakan dalam upaya pencegahan serta mitigasi penyakit. Aplikasi ini adalah contoh nyata bagaimana sains dapat diterjemahkan menjadi alat yang bermanfaat bagi masyarakat luas, membantu dalam memperkirakan dan mengantisipasi potensi wabah sebelum meluas.

Dengan refleksi ini, penulis berharap buku ini tidak hanya menjadi arsip perjalanan ilmiah pribadi, tetapi juga memberikan kontribusi nyata bagi kemajuan studi epidemiologi di Indonesia dan dunia. Semoga pendekatan berbasis data dan pemodelan yang dipaparkan di sini dapat menjadi inspirasi bagi para peneliti, pembuat kebijakan, dan pemangku kepentingan dalam menghadapi tantangan kesehatan di masa depan.

8 UCAPAN TERIMA KASIH

Segala puji dan syukur kehadirat Allah Swt. atas segala nikmat dan karunia-Nya sehingga saya memperoleh anugerah sebagai Guru Besar di Institut Teknologi Bandung dalam bidang Matematika Epidemiologi. Pencapaian ini diperoleh atas doa, dukungan, dan bantuan dari banyak pihak.

Perkenankan saya menyampaikan terima kasih sebesar-besarnya kepada yang terhormat Rektor dan Pimpinan ITB, Pimpinan dan seluruh Anggota Forum Guru Besar ITB, terutama Prof. Mindriani Syafila sebagai Ketua FGB yang telah memberi kesempatan pada saya untuk menyampaikan orasi ilmiah pada forum yang terhormat ini.

Ungkapan terima kasih yang tak terhingga bagi kedua orang tua tercinta; Ibu Djuariah binti Ashari dan Bapak Harsoko bin Soerjadi atas semua pengorbanan, dukungan, dan doa yang tak pernah putus hingga pencapaian hari ini. Terima kasih sebesar-besarnya bagi guru-guru sejak taman kanak-kanak sampai doktoral, atas ilmu yang bermanfaat dan teladan yang telah diajarkan kepada saya. Secara khusus saya mengucapkan terima kasih kepada para guru matematika di SD Kauman 1 Malang, SMP Negeri 3 Malang, serta SMA Negeri 3 Malang, atas jasa-jasa mengajarkan matematika sehingga saya akhirnya dapat menyelesaikan pendidikan di bidang ini sampai tahap doktoral. Terima kasih secara khusus kepada para pembimbing S-3, guru, teladan Prof. Edy Soewono, dan Prof. Kuntjoro A. Sidarto yang secara luar biasa mengajarkan saya bagaimana menjadi peneliti yang baik, dan menjadi dosen yang baik. Juga Prof. Asep K. Supriatna dan Dr. Hengki Tasman teman diskusi dan pemberi masukan selama proses pendidikan doktoral. Dosen pembimbing S-1, Bapak R.J. Pamuntjak M.Sc, dan pembimbing S-2, Andonowati, Ph.D. Terima kasih juga pada dosen-dosen saya di Jurusan Matematika ITB: Prof. M. Ansjar, Prof. Wono Setya Budi, Prof. Irawati, Prof. Pudji Astuti, Prof. Udjiana Pasaribu, Bana G. Kartasasmita, Ph.D., Prof. Sutawanir Darwis, Drs. Koko Martono, M.S. (Alm), Prof. A. Arifin (Alm), Syamsuddin, Ph.D. (Alm), Drs. I Nyoman Susila, M.Sc., Prof. Moedomo (alm), Prof. Sunardi Wirjosudirdjo (Alm), Prof. Nababan (Alm), Drs. Hidayat Sardi, M.S., Dr. Nana Nawawi Gaos, dan dosen-dosen lainnya.

Penghargaan dan apresiasi setinggi-tingginya bagi Ketua Senat FMIPA ITB Prof. Akhmaloka dan segenap anggota Senat, Dekan FMIPA ITB Prof. Wahyu

Srigutomo beserta Wakil Dekan Akademik Prof. Rukman Hertadi dan secara khusus sahabat, teladan dan Wakil Dekan Sumber daya FMIPA Dr. Hanni Y. Garminia atas nasihat, dan *support* yang luar biasa pada pencapaian gelar ini. Terima kasih kepada para pemberi rekomendasi dan Prof. Sri Redjeki PP yang juga telah membantu menelaah buku orasi ini, Ketua Kelompok Keahlian saat pengajuan proses Guru Besar dan juga teladan yang baik sepanjang karir saya. Prof. Edy Tri Baskoro, Prof. M. Salman A. N., Prof. Suprijadi Haryono, Prof. Ari Widyanti, Prof. Brian Yulianto, Prof. Hadi Susanto (Khalifa University, UAE), Prof. Agus Ismail Hasan (Norwegian University of Science and Technology), Prof. Agus Suryanto (Universitas Brawijaya), Prof. Mark Asch (Université de Picardie Jules Verne), dan Prof. Jayrold P. Arcede (Caraga State University Philipina).

Ucapan terima kasih juga kepada para kontributor utama, para penyemangat, teman diskusi dan *imboost* motivasi, Kamal K. Sukandar M. Si, Ilham S. Fauzi, M. Si, Dr. M Fakhruddin, Dr. Juni Wijayanti Puspita, Yuki Nasution, M.Si, Seprianus, M. Si, dan Arrofiatus Zahra. Para alumni dan mahasiswa doktoral KK Matematika Industri dan keuangan: Dr. Dipo Aldila, Dr. Hilda Fahlana, Dr. Meta Kallista, Dr. Heni Widayani, Dr. Yenie Syukria, Dr. Edwin S. Nugraha, Dr. Mona Zevika, Dr. Anita Triska, Dr. Jafarruddin (alm), Dr. Sutimin (alm), Dr. Wirdatul Aini dan Dr. Retno. Mahasiswa bimbingan S3, saat ini Yuki, Seprianus, Annisa dan mahasiswa S2 (Diki, Syifa, Nurina, Rezky) serta S1(Arro, Felix, Farhan, Iko, Teguh, Fanny, Dea dan Levyna) kalian luar biasa.

Ungkapan terima kasih kepada kolega di KK Matematika Industri dan Keuangan atas semua dukungan dan kerja sama selama ini: Prof. Janson Naiborhu (Ketua KK), Prof. Roberd Saragih, Prof. Sri Redjeki PP, Prof. Agus Y. Gunawan, Prof. L.H Wiryanto, Prof. Novriana Sumarti, Dr. M. Apri, Dr. Dewi Handayani, Dr. Rudy Kusdiantara, Dr. Novri Erwina, Dr. Dila Puspita, Dr. Ikha Magdalena, Dr. Adhe Kania, Prama Setia P, D. Phil (Oxon), M. Islahuddin, M.Sc, Ade Bayu C, M. Si, dan M. Ridwan Reza, M.Si..

Para kaprodi dan manajer di lingkungan FMIPA, terutama tim Kaprodi Sarjana, Prof. Novriana Sumarti (S-1 AK), Prof Fatimah Arrofiatun Noor (S1 FI), Dr. Anita Alni (S1 KI), dan Dr. Aprilia (S1 AS). Juga rekan seperjuangan Kaprodi Keilmuan Matematika, Prof. Dr. Novriana Sumarti, Dr. M. Apri dan Dr. Utriweni Mukhaiyar. Trio DNA (Deana – Nuning – Ana) sahabat-sahabat

tercinta yang menemani kala sedih dan gembira, lewat kulineran terbatas sekitaran kampus namun selalu disempatkan. Dr. Sparisoma Viridi, asisten Fidas TPB yang akhirnya menjadi kolega saat bersama-sama menjadi asisten Fidas dan dosen di FMIPA.

Terima kasih juga disampaikan untuk semua kolega dosen di Komunitas Matematika, Prof. Hilda Asyiatun (terima kasih atas semua bimbingan, contekan, dan semuanya), Prof. Hendra Gunawan, Prof. Iwan Pranoto, Prof. Spto Wahyu Indratno, Dr. Oki Neswan, Dr. Dumarina R. Tampubolon, Dr. Yudi Soeharyadi, Dr. Janny Lindiarni, Dr. Johan M. Tuwankotta, Dr. Jalina Wijaya, Dr. Aleams Barra, Dr. Dellavita N, Dr. Elvira K, Defita M.Si, Ning Jauhari, M. Si, Afif H, M.Si, Dr. Erma Suastika, Dr. Yuli S, Dr. R.R Kurnia, Dr. Eric, Dr. Denny IH, Dr. Fajar Yuliawan, Ifronika, M. Si, Dr. Rizal A., Dr. Finny O, Dr. Suhadi W, Dr. Aditya, Dr. Saladin Utunggadewa, Dr. Rieske Hadianti, dan kolega lainnya. Terima kasih kepada tenaga kependidikan: Pak Tatang, Bu Listiani Muthari, Bu Ira Purwaningsih, Bu Novita Anggraini, Bu Noi Sukmawati, Pak Dudi Supriyadi, Bu Yunita Fatmawati, dan rekan-rekan lainnya, khusus kepada Frischa Rachmawati terima kasih atas semuanya.

Terima kasih pula untuk tim Bodrex luar biasa, Juragan Ardhasena Sopaheluwakan, Ph.D., Pak Kapus Marjuki M.Si, Dr. Mamenun, Dr. Ratnaningsih, Bu Lina, Miss DB, Sumiati, SKM, M.Epid, Pak Agung, Mas Ganesha dan semuanya atas usaha kebersamaan riang gembira dan manfaat. Terima kasih pula untuk sahabat, kolega luar biasa, dr. Bony Wiem Lestari, Ph.D. atas segala pertanyaan kritis, *support* data, serta masukan berharganya, dr. Mushtofa Kamal (WHO Indonesia), terima kasih atas kesempatan dan banyak diskusinya, bersyukur akhirnya bertemu dengan orang yang tepat.

Saya juga mengucapkan terima kasih kepada para anggota SIMCOV-ID atas diskusi dan *support* kala pandemi melanda, terutama untuk mentor luar biasa, Prof. Hadi Susanto, Prof. Agus Hasan, Firmansyah Kasim Ph.D., dr. Panji Hadisoemarto, Dr. Nanang S., Mas Faris atas supportnya yang luar biasa, dan rekan tim lainnya (Bu Endah, dkk). Tim Satgas ITB dengan motor Bu Erna yang super keren, Bu Aang, Bu Reni, Pak Herto (kita akhirnya orasi di hari yang sama), Bu Ria, Pak Diki, Pak Soni, terima kasih atas pembelajaran yang mantab selama pandemi. Saya belajar banyak dari ibu dan bapak semua.

Tidak lupa ucapan terima kasih untuk teman-teman masa sekolah: Alumni SDN Kauman 1 Malang Angkatan 84; Alumni SMP Negeri 3 Malang Angkatan

90, khususnya BASF: Dhika, Ninja, Wiwit, dan 3 anggota yang tidak bisa disebut namanya; Alumni SMA Negeri 3 Malang Angkatan '93, khususnya yang melaut ke Ganesha 10, Nina, Iyek, Alan, Fani, Wingky, Gibon, Danang, Azrul, Arsad dan Teguh. Yang tetap jaga gawang, Sonya, Yunia, Yuk Pad, Wiwuk, dan lainnya (sori rek, halaman terbatas). Alumni MA 94 (khusus ibu-ibu PKK, Indah, Ipit, Iwit, Nina, Fera, Neni, dkk., juga pak dir, Dadang) dan juga Dosen ITB 94 terima kasih atas persahabatan dan dukungan selama ini terutama untuk Hanni, Barra dan Ari atas semua hore-horenya. Tak lupa sahabat-sahabat yang selalu mendukung sejak masa sarjana dan pascasarjana, Irma Febriana MK., S.E., M.Si., Prof. Diah Chaerani, dan Prof. Nursanti Anggriani.

Bagian terakhir namun yang paling penting, terima kasih yang tak terhingga buat suamiku, Charles dan kelima buah hati luar biasaku, Fairuz Syifa Iftinan, Razan Zhafir Husnaini, Ataya Zharfan Izdihar, Aptana Lokatara dan Anargya Parama, tetap bersinar menjadi diri kalian sendiri, dalam keyakinan din sampai mati dan selalu berprestasi. Terima kasih atas pengertiannya merelakan waktu kalian untuk mama buat mengurus anak-anak orang lain. Terima kasih untuk doa dan dukungan 3 adikku: Ririn Wahyu Ambarsari, dan M. Antony, Wawan Ariwibowo dan Menik Purwitasari, serta Fiki Yudhiantoro dan Ira serta sembilan keponakan bude yang keren-keren. Ungkapan terima kasih juga untuk Keluarga Besar Eyang Soerjadi, serta semua pihak yang tidak bisa disebutkan satu per satu atas doa, dukungan, dan bantuannya.

Semoga Allah Swt. membalas semua kebaikan yang telah diberikan dengan sebaik-baik balasan. Aamiin Allahumma Aamiin.

DAFTAR PUSTAKA

- A. Fuady, N. Nuraini, K. K. Sukandar, B.W. Lestari, *Targeted vaccine allocation could increase the COVID-19 vaccine benefits amidst its lack of availability: a mathematical modeling in Indonesia*, *Vaccines*, 9, 462, 2021.
- Aini W, Sukandar KK, Nuraini N and Handayani D, The Impact of Mass Exodus on the Resurgence of COVID-19 Cases: Case Study of Regions in Indonesia. *Front. Appl. Math. Stat.* 8:912150. (2022)
- Awofisayo-Okuyelu, A., Verlander, N. dkk. (2016): Factors influencing the time between onset of illness and specimen collection in the diagnosis of non-pregnancy associated listeriosis in England and Wales, *BMC Infectious Diseases*, **16**.
- Brauer, F. (2009). Mathematical epidemiology is not an oxymoron. *BMC Public Health* **9** (Suppl 1), S2.
- Brauer, F. (2017). Mathematical Epidemiology: Past, Present, and Future. *Infectious Disease Modelling*, 2, 113-127.
- C. Wang, W. Yang, J. Fan, et al., Spatial and temporal patterns of dengue in Guangdong province of China, *Asia-Pac. J. Public Health* 27(2) (2015) NP844–NP853.
- Clarke, K. E., et al. (2019). Global epidemiology of diphtheria, 2000-2017. *Emerging Infectious Diseases*, 25(10), 1834.
- D. A. Cummings, S. Iamsirithaworn, J. T. Lessler, A. McDermott, R. Prasanthong, A. Nisalak, et al. The impact of the demographic transition on dengue in thailand: insights from a statistical analysis and mathematical modeling. *PLoS Med*, 6(9): e1000139, 2009.
- Eggo, R. M., Cauchemez, S. and Ferguson, N. M. (2011): Spatial dynamics of the 1918 influenza pandemic in England, Wales and the United States, *Journal of The Royal Society*, **8**, 233-243.
- Getis, A., & Ord, J. K. (2010). The analysis of spatial association by use of distance statistics. *Perspectives on Spatial Data Analysis*, 127-145.
- H. Harapan, A. Michie, M. Mudatsir, et al., Epidemiology of dengue hemorrhagic fever in Indonesia: analysis of five decades data from the National Disease Surveil-lance, *BMC Res. Notes* 12 (2019) 350.
- H. Susanto, V.R. Tjahjono, A. Hasan, M.F. Kasim, N. Nuraini, E.R.M. Putri, R. Kusdiantara, H. Kurniawan, How Many Can You Infect? Simple (and Naive) Methods of Estimating the Reproduction Number, *COMMUN. BIOMATH. SCI.*, VOL. 3, NO. 1, PP. 28-36, (2020).
- H. Widayani, N. Nuraini, E. Soewono, *On the effect of host migration in host-vector model*, *IISTE*, Vol 10, No 5, 2020.

- M. Fakhruddin, P. S. Putra, K. P. Wijaya, A. Sopaheluwakan, R. Satyaningsih, K. E. Komalasari, Mamenun, Sumiati, S. W. Indratno, N Nuraini, T Götz, E. Soewono, *Assessing the interplay between dengue incidence and weather in Jakarta via a clustering integrated multiple regression model*, *Ecological Complexity* (39), 2019.
- Harapan, H., et al. (2019). Diphtheria outbreak in Indonesia, 2017: An outbreak of an ancient and vaccine-preventable disease in the third millennium. *Clinical Epidemiology and Global Health*, 7(2).
- Hasan, E. Putri, H. Susanto, N. Nuraini, *Data-driven modeling and forecasting of COVID-19 outbreak for public policy making*, *ISA Transaction*, (2021)
- Hasan, H. Susanto, M. Kasim, N. Nuraini, B. Lestari, D. Triany, W. Widyastuti, *Superspreading in Early Transmissions of COVID-19 in Indonesia*, *Scientific Reports*, volume 10, Article number: 22386 (2020).
- Hasan, H. Susanto, V.R. Tjahjono, R. Kusdiantara, E.R.M. Putri, P, N. Nuraini, Hadisoemarto, *A new estimation method for COVID-19 time-varying reproduction number using active cases*, *Scientific Reports*, volume 12, Article number: 6675 (2022)
- Haydon, D.T. dkk. (2003): The construction and analysis of epidemic trees with reference to the 2001 UK foot-and-mouth outbreak, *Proc. R. Soc. Lond. B.*, **270**, 121-127.
- Helena A. Herrmann and Jean-Marc Schwarts. Why COVID-19 Models Should Incorporate the Network of Social Interactions. *Physical Biology*, 2020.
- Hilda Fahlena, Widya Oktaviana, Farida, Sudirman, Nuning Nuraini, Edy Soewono, *Analysis of A Co-endemic Model of COVID-19 and Dengue Disease*, *COMMUN. BIOMATH. SCI.*, VOL. 4, NO. 2, 2021, PP. 138-151.
- I.S Fauzi, M. Fakhruddin, N. Nuraini, K P. Wijaya, *Comparison of Dengue Transmission in Lowland and Highland Area: Case Study in Semarang and Malang, Indonesia*, *Commun. Biomath. Sci.*, Vol 2, No. 1, pp. 23-37, 2019.
- I.S Fauzi, N. Nuraini, R. W. S. Ayu, and B.W Lestari, *Temporal Trend and Spatial Clustering of the Dengue Fever Prevalence in West Java, Indonesia*, *Heliyon*, Volume 8, Issue 8, August 2022, e10350.
- I.S. Fauzi, M. Fakhruddin, N. Nuraini, et al., Comparison of dengue transmission in lowland and highland area: case study in Semarang and Malang, Indonesia, *Com-mun. Biomath. Sci.* 2(1) (2019) 23–37.
- Ibrahim, O., et al. (2022). Diphtheria outbreak during Covid-19 pandemic in Katsina, North-Western Nigeria: Epidemiological characteristics and predictors of death. *Nigerian Journal of Basic and Clinical Sciences*, 19(1), 59.
- Ilham Saiful Fauzi, Nuning Nuraini, Ade Maya Sari, Imaniah Bazlina Wardani, Delsi Taurustiati, Purnama Magdalena Simanullang, Bony Wiem Lestari, *Assessing the impact of booster vaccination on diphtheria*

- transmission: Mathematical modeling and risk zone mapping, *Infectious Disease Modelling* Vol.9, pp. 245-262 (2024),
- Juni Wijayanti Puspita, Farida, Muhammad Fakhruddin, Nuning Nuraini, Rifky Fauzi, Sapto Wahyu Indratno and Edy Soewono, Modeling and descriptive analysis of dengue cases in Palu City, Indonesia, *Physica A* 625 (2023) 129019, <https://doi.org/10.1016/j.physa.2023.129019>.
- Juni Wijayanti Puspita, Muhammad Fakhruddin, Nuning Nuraini, and Edy Soewono, *Time-dependent force of infection and effective reproduction ratio in an age-structure dengue transmission model in Bandung City, Indonesia*, *Infectious Disease Modelling*, Vol. 7, Issue 3, Pages 430-447, (2022).
- Li, M., Shi, X., Li, X., Ma, W., He, J. and Liu, T. (2019): Epidemic Forest: A Spatiotemporal model for communicable diseases, *Annals of the American Association of Geographers*, **109**(3), 812-836.
- M. Aguiar and N. Stollenwerk. Dengvaxia: age as surrogate for serostatus. *The Lancet Infectious Diseases*, 18(3):245, 2018.
- M. Fakhruddin, D. Suandi, Sumiati, H. Fahlana, N. Nuraini, and E. Soewono, *Investigation of a measles transmission with vaccination: a case study in Jakarta, Indonesia*, *MBE*, 17(4): 2998–3018. DOI: 10.3934/mbe.2020170, (2020).
- Meta Kallista and Nuning Nuraini, Numerical Solution for Blood Losses Phenomenon in Narrow Vessels, *International Review on Modelling and Simulations (I.RE. MO.S.)*, Vol 11, No. 2, 117-124, 2018.
- Mezones-Holguin, E., et al. (2021). Vaccination coverage and preventable diseases in Peru: Reflections on the first diphtheria case in two decades during the midst of COVID-19 pandemic. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 40, 101956.
- Moazeni, M., Maracy. M. R., Dehdashti, B. and Ebrahimi, A. (2022): Spatiotemporal analysis of COVID-19, air pollution, climate, and meteorological conditions in a metropolitan region of Iran, *Environmental Science and Pollution Research*, **29**, 24911-24924.
- Mona Zevika, Rudy Kusdiantara, Nuning Nuraini and Edy Soewono, A Study on Zika-Dengue Coinfection Model with Microcephaly Newborn Dynamics, *Chaos, Soliton and Fractal*, Vol. 175 Part 2, 114019, 2023.
- Moran, P. A. (1950). Notes on continuous stochastic phenomena. *Biometrika*, 37(1/2), 17-23.
- N. Nuraini, F.N. Soekotjo, A. Alifia, K. K. Sukandar, and B.W. Lestari, Assessing potential surge of COVID-19 cases and the need for booster vaccine amid emerging SARS CoV-2 variants in Indonesia: a modelling study from West Java, *Heliyon*, Issue 9, September 2023, e20009.
- N. Nuraini, I.S Fauzi, M. Fakhruddin, A. Sopaheluwakan, E. Soewono, *Climate-based dengue model in Semarang, Indonesia: Predictions and descriptive analysis*, *Infectious Disease Modelling*, volume 6, 598 – 611, (2021)

- N. Nuraini, K. Khairudin, M. Apri, *Modeling Simulation of COVID-19 in Indonesia based on Early Endemic Data*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 3, NO. 1, PP. 1-8, (2020).
- N. Nuraini, K. Khairudin, P. Hadisoemarto, H. Susanto, A. Hasan, N. Sumarti, *Mathematical Models for Assessing Vaccination Scenarios in Several Provinces in Indonesia*, Infectious Disease Modelling, volume 6, 1236-1258, (2021)
- Nuning Nuraini, Edy Soewono and Kuntjoro Adji Sidarto, *Mathematical Model of Dengue Fever Disease Transmission with Severe DHF Compartment*, Bulletin of Malaysian Mathematical Society Vol 2, pp. 143-157, 2007.
- Nuning Nuraini, Hengki Tasman, Edy Soewono and Kuntjoro Adji Sidarto, *A within Dengue infection model with immune response*, Journal Mathematical and Computer Modelling 49 pp 1148 - 1155, 2009.
- Nuraini, N.; Fauzi, I.S.; Lestari, B.W.; Rizqina, S. The Impact of COVID-19 Quarantine on Tuberculosis and Diabetes Mellitus Cases: A Modelling Study. Trop. Med. Infect. Dis. 2022, 7, 407.
- Nuraini, N.; Sukandar, K.K.; Tahu, M.Y.T.; Giri-Rachman, E.A.; Barlian, A.; Suhardi, S.H.; Pasaribu, U.S.; Yuliar, S.; Mudhakhir, D.; Ariesyady, H.D.; et al. Infectious Disease Modeling with Socio-Viral Behavioral Aspects—Lessons Learned from the Spread of SARS-CoV-2 in a University. Trop. Med. Infect. Dis. 2022, 7, 289.
- Oyedotun, T. D. T. and Moonsammy, S. (2020): Spatiotemporal Variation of COVID-19 and its spread in South America: A rapid assessment, *Annals of the Association of Geographers*, **111**(6).
- P.A.P. Moran, Notes on continuous stochastic phenomena, *Biometrika* 37(1/2) (1950) 17–23.
- P.S. Putra and N. Nuraini, *Modeling of Dengue Occurrences Early Warning Involving Temperature and Rainfall Factors*, Asian Pacific Journal of Tropical Disease, 7(7), 385-390, 2017.
- Qin, J., You, C. dkk. (2020): Estimation of incubation period distribution of COVID-19 using disease onset forward time: A novel cross-sectional and forward follow-up study, *Science Advances*, **6**(33).
- Roberts M, Andreasen V, Lloyd A, Pellis L. (2015). Nine challenges for deterministic epidemic models. *Epidemics*, 10, 49-53.
- Saeed, M., et al. (2023). Diphtheria in Pakistan post-COVID-19, a potential public health threat: An update. *Tropical Medicine and Health*, 51(1), 1-4.
- Seprianus, Nuning Nuraini & Suhadi Wido Saputro, A computational model of epidemic process with three variants on a synthesized human interaction network, *Scientific Reports*, volume 14, Article number: 7470 (2024).

- Seprianus, Nuning Nuraini & Suhadi Wido Saputro, A Simple Modelling of Microscopic Epidemic Process with Two Vaccine Doses on a Synthesized Human Interaction Network, *COMMUN. BIOMATH. SCI.*, VOL. 7, NO. 1, 2024, PP. 106-123.
- Spassiani, I., Sebastiani, G. and Palu, G. (2021): Spatiotemporal Analysis of COVID-19 Incidence Data, *Viruses*, **13**.
- W.T. Lai, C.H. Chen, H. Hung, et al., Recognizing spatial and temporal clustering patterns of dengue outbreaks in Taiwan, *BMC Infect. Dis.* 18 (2013) 256.
- Ward, C., Brown, G. D. and Oleson, J. J. (2021): An individual level infectious disease model in the presence of uncertainty from multiple, imperfect diagnostic tests, *Biometrics*, **79**(1).
- West Java Provincial Health Office. (2023). Routine surveillance data 2021-2023. Tech. rep. West Java Provincial Health Office.
- WHO, Dengue and severe dengue, <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>, 2021.
- World Health Organization. (2023). Diphtheria - number of reported cases. <https://www.who.int/data/gho/data/indicators/indicator-details/GHO/diphtheria—number-of-reported-cases>, 2023-07-05.
- X.S. Wang, J. Wu, Y. Yang, Richards model revisited: validation by and application to infection dynamics, *J. Theor. Biol.* 313(12) (2012) 9.
- Y. Okabe and A. Shudo. Spread of Variants of Epidemic Diseases Based on the Microscopic Numerical Simulations on Networks. *Scientific Reports*, 2022.
- Yuki Novia Nasution, Marli Yehezkiel Sitorus, Kamal Sukandar, Nuning Nuraini, Mochamad Apri & Ngabila Salama, the epidemic forest reveals the spatial pattern of the spread of acute respiratory infections in Jakarta, Indonesia, *Scientific Reports*, volume 14, Article number: 7619 (2024).
- Zakikhany, K., & Efstratiou, A. (2012). Diphtheria in Europe: Current problems and new challenges. *Future Microbiology*, 7(5), 595e607.

CURRICULUM VITAE



Nama : Nuning Nuraini
Tempat/tgl lahir : Malang/14 April 1974
Kel. Keahlian : Matematika Industri & Keuangan
Alamat Kantor : CAS Lt 4 ITB Ganesa 10 Bandung
Nama Suami : Charles
Nama Anak : Fairuz Syifa Iftinan, Razan Zhafir Husnaini, Ataya Zharfan Izdiyar, Aptana Lokatara, Anargya Parama

I. RIWAYAT PENDIDIKAN

No.	Jenjang Pendidikan	Perguruan Tinggi	Tahun Lulus	Gelar	Bidang
1.	S-1	MA FMIPA ITB	1998	S.Si	Matematika
2.	S-2	MA FMIPA ITB	2001	M.Si	Matematika Terapan
3.	S-3	MA FMIPA ITB	2008	Dr.	Matematika Terapan

II. RIWAYAT KERJA DI ITB

No		Tahun
1	Dosen tetap Matematika	1999 – sekarang
2	Kepala Pusat Pemodelan Matematika dan Simulasi ITB	2012 – 2020
3	Kaprodi Sarjana Matematika	2020 - 2024
4	Ketua tim akreditasi S-3 Matematika	2018
5	Tim DUE Like Project ITB	2002 – 2004
6	Tim IM HERE Project ITB	2010 – 2012
7	Tim WCU ITB	2017 - 2019

III. RIWAYAT KEPANGKATAN

No.	Pangkat	Golongan	TMT
1.	Penata Muda	III/a	1 Maret 1999
2.	Penata Muda Tingkat I	III/b	1 April 2023
3.	Penata	III/c	1 April 2006
4.	Penata Tingkat I	III/d	1 April 2012
5.	Pembina	IVa	1 April 2014
6.	Pembina Tingkat I	IVb	1 April 2024

IV. RIWAYAT JABATAN FUNGSIONAL

No.	Nama Jabatan	TMT
1.	Asisten Ahli Madya	1 Oktober 2000
2.	Asisten Ahli	1 Januari 2001
3.	Lektor	1 Desember 2004
4.	Lektor Kepala	1 Desember 2011
5.	Guru Besar	1 Oktober 2023

V. KEGIATAN PENELITIAN

- **SFC GCRF COVID-19 Response Award (2019/20)**
Description: Grant to study COVID-19 transmission and intervention strategies in collaboration with the University of Strathclyde.
- **UKICIS Grant for Climate-Related Health Modeling (2022-2023)**
Description: Research on linking climate data with health outcomes in collaboration with UI and IPB.
- **Asahi Glass Foundation Research Grant – Dengue map with Climate Factors**, Asahi Glass Foundation, 2022-2023
Description: Produce dengue risk map using climate data and mosquito's life cycle.
- **Riset ITB**, [every year since 2009 – present]
Role: Principal Investigator
- **Dikti – Bima Research Grant** [every year since 2009 – present]
Role: Pincipal Investigator

VI. PUBLIKASI

Book Chapter

1. Asep K Supriatna, **Nuning Nuraini**, Edy Soewono, *Mathematical Model of Dengue Transmission and Control*, Basak Ganim and Adam Reis (eds. 2010), *Dengue Virus: Detection, Diagnosis and Control*. Nova Science Publishers, New York pp.187 – 208, 2010.

International Journal (Selected)

1. Seprianus, **Nuning Nuraini** & Suhadi Wido Saputro, A Simple Modelling of Microscopic Epidemic Process with Two Vaccine Doses on a Synthesized Human Interaction Network, *COMMUN. BIOMATH. SCI.*, VOL. 7, NO. 1, 2024, PP. 106-123. <https://doi.org/10.5614/cbms.2024.7.1.6>

2. Yuki Novia Nasution, Marli Yehezkiel Sitorus, Kamal Sukandar, **Nuning Nuraini**, Mochamad Apri & Ngabila Salama, The epidemic forest reveals the spatial pattern of the spread of acute respiratory infections in Jakarta, Indonesia, *Scientific Reports*, volume 14, Article number: 7619 (2024). <https://www.nature.com/articles/s41598-024-58390-3#Sec6>.
3. Seprianus, **Nuning Nuraini** & Suhadi Wido Saputro, A computational model of epidemic process with three variants on a synthesized human interaction network, *Scientific Reports*, volume 14, Article number: 7470 (2024). <https://www.nature.com/articles/s41598-024-58162-z>.
4. Ilham Saiful Fauzi, **Nuning Nuraini**, Ade Maya Sari, Imaniah Bazlina Wardani, Delsi Taurustiati, Purnama Magdalena Simanullang, Bony Wiem Lestari, Assessing the impact of booster vaccination on diphtheria transmission: Mathematical modeling and risk zone mapping, *Infectious Disease Modelling* Vol.9, pp. 245-262 (2024), <https://doi.org/10.1016/j.idm.2024.01.004>.
5. S. Fauzi, I.B. Wardani, **N. Nuraini**, Epidemiological Modeling of Influenza-Like Illness (ILI) Transmission in Jakarta, Indonesia through Cumulative Generating Operator on SLIR Model, *Journal of Biosafety and Biosecurity* (2023), doi: <https://doi.org/10.1016/j.jobb.2023.10.001>.
6. **N. Nuraini**, F.N. Soekotjo, A. Alifia, K. K. Sukandar, and B.W. Lestari, Assessing potential surge of COVID-19 cases and the need for booster vaccine amid emerging SARS CoV-2 variants in Indonesia: a modelling study from West Java, *Heliyon*, Issue 9, September 2023, e20009. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e20009>
7. Mona Zevika, Rudy Kusdiantara, **Nuning Nuraini** and Edy Soewono, A Study on Zika-Dengue Coinfection Model with Microcephaly Newborn Dynamics, *Chaos, Soliton and Fractal*, Vol. 175 Part 2, 114019, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2023.114019>.
8. Triska, A., Gunawan, A.Y. **Nuraini, N.** The Effects of the Susceptible and Infected Cross-Diffusion Terms on Pattern Formations in an SI Model. *Mathematics* 2023, 11, 3745. <https://doi.org/10.3390/math11173745>
9. Nadia, Afdol Zikri, Sila Rizqina, Kamal Khairudin Sukandar, Muhammad Fakhruddin, Chai Jian Tay, **Nuning Nuraini**, Data-Driven Generating Operator in SEIRV Model for COVID-19 Transmission, *COMMUN. BIOMATH. SCI.*, VOL. 6, NO. 1, 2023, PP. 74-89. <https://doi.org/10.5614/cbms.2023.6.1.6>

10. Juni Wijayanti Puspita, Farida, Muhammad Fakhruddin, **Nuning Nuraini**, Rifky Fauzi, Sapto Wahyu Indratno and Edy Soewono, Modeling and descriptive analysis of dengue cases in Palu City, Indonesia, *Physica A* 625 (2023) 129019, <https://doi.org/10.1016/j.physa.2023.129019>.
11. **Nuraini, N.**; Fauzi, I.S.;Lestari, B.W.; Rizqina, S. The Impact of COVID-19 Quarantine on Tuberculosis and Diabetes Mellitus Cases: A Modelling Study. *Trop. Med. Infect. Dis.* 2022, 7, 407. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7120407>
12. **Nuraini, N.**; Sukandar, K.K.; Tahu, M.Y.T.; Giri-Rachman, E.A.; Barlian, A.; Suhardi, S.H.; Pasaribu, U.S.; Yuliar, S.; Mudhakhir, D.; Ariesyady, H.D.; et al. Infectious Disease Modeling with Socio-Viral Behavioral Aspects—Lessons Learned from the Spread of SARS-CoV-2 in a University. *Trop. Med. Infect. Dis.* 2022, 7, 289. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed71002>
13. Nursupriana, I.;Anggriani, N.; **Nuraini, N.**;Rosandi, Y. *Mathematical Model of Interaction of Therapist and Patients with Bipolar Disorder: A Systematic Literature Review.* *J. Pers. Med.* 2022,12, 1469. <https://doi.org/10.3390/jpm12091469>.
14. I.S Fauzi, **N. Nuraini**, R. W. S. Ayu, and B.W Lestari, *Temporal Trend and Spatial Clustering of the Dengue Fever Prevalence in West Java, Indonesia*, *Heliyon*, Volume 8, Issue 8, August 2022, e10350. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e10350>.
15. A. Hasan, Y. Nasution, H. Susanto, E. Putri, V. Tjahjono, D. Puspita, K. Sukandar, **N. Nuraini**, W. Widyastuti, *Modeling COVID-19 Transmissions and Evaluation of Large Scale Social Restriction in Jakarta, Indonesia*, *COMMUN. BIOMATH. SCI.*, VOL. 5, NO. 1, 2022, PP. 90-100.
16. Sukandar, K.K.; Louismono, A.L.; Volisa, M.; Kusdiantara, R.; Fakhruddin, M.; **Nuraini, N.**; Soewono, E. *A Prospective Method for Generating COVID-19 Dynamics.* *Computation* 2022, 10, 107. <https://doi.org/10.3390/computation10070107>.
17. Juni Wijayanti Puspita, Muhammad Fakhruddin, **Nuning Nuraini**, and Edy Soewono, *Time-dependent force of infection and effective reproduction ratio in an age-structure dengue transmission model in Bandung City, Indonesia*, *Infectious Disease Modelling*, Vol. 7, Issue 3, Pages 430-447, (2022).
18. R. Kusdiantara, F.T. Akbar, **N. Nuraini**, B.E. Gunara , H. Susanto, Snakes on Lieb Lattice, *J Nonlinear Sci*, 32:59, 2022. <https://doi.org/10.1007/s00332-022-09810-z>.

19. A. Hasan, H. Susanto, V.R. Tjahjono, R. Kusdiantara, E.R.M. Putri, P, **N. Nuraini**, Hadisoemarto, *A new estimation method for COVID-19 time-varying reproduction number using active cases*, Scientific Reports, volume 12, Article number: 6675 (2022)
20. C.J Tay, M. Fakhruddin, Ilham S.F, S. Y Teh, M. Syamsuddin, **N. Nuraini**, E. Soewono, *Dengue epidemiological characteristic in Kuala Lumpur and Selangor, Malaysia*, Mathematics and Computers in Simulation Vol. 194, 489-504, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.matcom.2021.12.00>.
21. A. Triska, A.Y. Gunawan, **N. Nuraini**, *Outbreak Spatial Pattern Formation Based on an SI Model with Infected Cross-Diffusion Term*, Journal of Mathematics and Computer Science, (27), 1-17, 2022. doi: 10.22436/jmcs.027.01.0
22. H. Fahlana, R. Kusdiantara, **N. Nuraini**, E. Soewono, *Dynamical analysis of two-pathogen coinfection in influenza and other respiratory diseases*, Chaos, Soliton and Fractal, Vol. 155, 111727, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2021.111727W>.
23. Aini W, Sukandar KK, **Nuraini N** and Handayani D, *The Impact of Mass Exodus on the Resurgence of COVID-19 Cases: Case Study of Regions in Indonesia*. Front. Appl. Math. Stat. 8:912150. (2022) doi: 10.3389/fams.2022.912150
24. **N. Nuraini**, K. Khairudin, P. Hadisoemarto, H. Susanto, A. Hasan, N. Sumarti, *Mathematical Models for Assessing Vaccination Scenarios in Several Provinces in Indonesia*, Infectious Disease Modelling, volume 6, 1236-1258, (2021) <https://doi.org/10.1016/j.idm.2021.09.002>.
25. Hilda Fahlana, Widya Oktaviana, Farida, Sudirman, **Nuning Nuraini**, Edy Soewono, *Analysis of A Co-endemic Model of COVID-19 and Dengue Disease*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 4, NO. 2, 2021, PP. 138-151.
26. **N. Nuraini**, I.S Fauzi, M. Fakhruddin, A. Sopaheluwakan, E. Soewono, *Climate-based dengue model in Semarang, Indonesia: Predictions and descriptive analysis*, Infectious Disease Modelling, volume 6, 598 – 611,(2021) <https://doi.org/10.1016/j.idm.2021.03.005>.
27. A.Fuady, **N. Nuraini**, K. K. Sukandar, B.W. Lestari, *Targeted vaccine allocation could increase the COVID-19 vaccine benefits amidst its lack of availability: a mathematical modeling in Indonesia*, Vaccines, 9, 462, 2021. <https://doi.org/10.3390/vaccines9050462>

28. A. Hasan, E. Putri, H. Susanto, **N. Nuraini**, *Data-driven modeling and forecasting of COVID-19 outbreak for public policy making*, ISA Transaction,(2021) <https://doi.org/10.1016/j.isatra.2021.01.028>.
29. A. Hasan, H. Susanto, M. Kasim, **N. Nuraini**, B. Lestari, D. Triany, W. Widyastuti, *Superspreading in Early Transmissions of COVID-19 in Indonesia*, Scientific Reports, volume 10, Article number: 22386 (2020). <https://www.nature.com/articles/s41598-020-79352-5>
30. **N. Nuraini**, M. Kallista, and K. K. Sukandar, *Modeling of idol dynamic based on social media*, Model Assisted Statistics and Applications Vol 15, Issue 2, 2020.
31. M. Fakhruddin, D. Suandi, Sumiati, H. Fahlana, **N. Nuraini**, and E. Soewono, *Investigation of a measles transmission with vaccination: a case study in Jakarta, Indonesia*, MBE, 17(4): 2998–3018. DOI: 10.3934/mbe.2020170, (2020).
32. V. M. Risriani, T. Anggraeni, and **N. Nuraini**, *An Entomological Model for Estimating the Post-Mortem Interval*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 3, NO. 2, PP. 148-156, (2020).
33. **N. Nuraini**, K. Khairudin, M. Apri, *Modeling Simulation of COVID-19 in Indonesia based on Early Endemic Data*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 3, NO. 1, PP. 1-8, (2020).
34. H. Susanto, V.R. Tjahjono, A. Hasan, M.F. Kasim, **N. Nuraini**, E.R.M. Putri, R. Kusdiantara, H. Kurniawan, *How Many Can You Infect? Simple (and Naive) Methods of Estimating the Reproduction Number*, COMMUN. BIOMATH. SCI., VOL. 3, NO. 1, PP. 28-36, (2020).
35. H. Widayani, **N. Nuraini**, E. Soewono, *On the effect of host migration in host-vector model*, IISTE, Vol 10, No 5, 2020.
36. P.S. Putra, H. Susanto, **N. Nuraini**, *Turing Patterns of Non-linear S-I Model on Random and Real Structure Networks with Diarrhea Data*, Scientific Reports, volume 9, Article number: 8892 (2019).
37. M. Fakhruddin, P. S. Putra, K. P. Wijaya, A. Sopaheluwakan, R. Satyaningsih, K. E. Komalasari, Mamenun, Sumiati, S. W. Indratno, **N Nuraini**, T Götz, E. Soewono, *Assessing the interplay between dengue incidence and weather in Jakarta via a clustering integrated multiple regression model*, Ecological Complexity (39), 2019.
38. I.S Fauzi, M. Fakhruddin, **N. Nuraini**, K P. Wijaya, *Comparison of Dengue Transmission in Lowland and Highland Area: Case Study in Semarang and Malang, Indonesia*, Commun. Biomath. Sci., Vol 2, No. 1, pp. 23-37, 2019.

39. E. S. Nugraha, **N. Nuraini** and J. Naiborhu, *Backward bifurcation of an SIR-SI model with vaccination and treatment*, Adv. Studies Contemp. Math.29 (1), 2019.
40. N. Sumarti, M.A. Wardana, **N. Nuraini**, *Population Growth Models of Forest Trees for Conservation Management: Case of Teak (Tectona Grandis) Forest in Begal, East Java, Indonesia*, Hayati, Journal of Biosciences, Vol. 25 No. 4, 169-177, October 2018.
41. Meta Kallista and **Nuning Nuraini**, Numerical Solution for Blood Losses Phenomenon in Narrow Vessels, *International Review on Modelling and Simulations (I.RE. MO.S.)*, Vol 11, No. 2, 117-124, 2018.
42. P.S. Putra and **N. Nuraini**, *Modeling of Dengue Occurrences Early Warning Involving Temperature and Rainfall Factors*, Asian Pacific Journal of Tropical Disease,7(7),385-390, 2017.
43. Sutimin, **Nuning Nuraini**, Faraimunashe Chirove & Lisyani. B. Suromo, *Modelling Multiple Dosing with Drug Holiday in Antiretroviral Treatment on HIV-1 Infection* , J. Math. Fund. Sci Vol. 49, No.1,1-17, 2017.
44. Sutimin, F. Chirove, E. Soewono, **N. Nuraini**, & L. B. Suromo, A model incorporating combined RTI's and PI's therapy during early HIV-1 infection, 285 pp 102 – 111, Math. Biosci, 2017.
45. Tasmi and **N. Nuraini**, Optimal Vaccination and Treatment Schedules in a Deterministic Avian influenza Model, J.Math. Fund.Sci Vol. 48, No. 2, 167-177, 2016.
46. Jafarruddin, S.W. Indratno, **N. Nuraini**, A.K. Supriatna, E. Soewono. [Estimation of the Basic Reproductive Ratio for Dengue Fever at the Take-Off Period of Dengue Infection](http://dx.doi.org/10.1155/2015/206131). Computational and Mathematical Methods in Medicine Vol. 2015. Article ID 206131, 14 pages <http://dx.doi.org/10.1155/2015/206131>, 2015
47. M. Kallista, **N. Nuraini**, L. Natalia, E. Soewono. *Models for the onset of plasma leakage in dengue haemorrhagic fever*. Applied Mathematical Sciences Journal Vol. 8, no. 75, 3709 – 3719, 2014.
48. F. Chirove, Sutimin, E. Soewono, **N. Nuraini** “*Analysis of combined Langerhans and CD4+ T cells HIV Infection*”, SIAM J. Appl. Math, Vol 74, No. 4, pp 1174 – 1193, 2014.
49. Jafaruddin Hamid, Juni Wijayanti Puspita, **Nuning Nuraini**, Edy Soewono, [Dynamical Model for Transmission of West Nile Virus in Chicken-Mosquito Interaction](#), Journal of Mathematical and Fundamental Sciences, Volume 46, Issue 3, 290 – 300, 2014.

50. **Nuning Nuraini**, Hengki Tasman, Edy Soewono and Kuntjoro Adji Sidarto, *A with-in Dengue infection model with immune response*, Journal Mathematical and Computer Modelling 49 pp 1148 - 1155, 2009.
51. **Nuning Nuraini**, Edy Soewono and Kuntjoro Adji Sidarto, *Mathematical Model of Dengue Fever Disease Transmission with Severe DHF Compartment*, Bulletin of Malaysian Mathematical Society Vol 2, pp. 143-157, 2007.

International Proceeding (selected)

1. P. Putra and **N. Nuraini**, Network structure impact on recurrent epidemic transmission time, *AIP Conf. Proc.* 3083, 040006 (2024) <https://doi.org/10.1063/5.0225838>
2. Y.N. Nasution, M.A. Rizqo and **N. Nuraini**, Multi-player masks game in response to COVID-19, *AIP Conf. Proc.* 3083, 040004 (2024) <https://doi.org/10.1063/5.0227171>
3. Akhmad Aji Permadi, Adlan Malik Al-Asytar, Ivana Joice Chandra, Sonia Augustin, Vania Mene Risriani, Virnia, Putri Amara, Tjandra Anggraeni, and **Nuning Nuraini**, A mathematical model for estimating post-mortem interval on wrapped and unwrapped carcasses, *AIP Conference Proceedings* 2498, 020012 (2022); <https://doi.org/10.1063/5.0082771>.
4. A.F. Ihsan; M. R. R Nugraha; **N. Nuraini**, A Study of People Movement Index in Indonesia During Lebaran 2021, **IEEE Proceeding**, (2021), DOI: [10.1109/ICADEIS52521.2021.9701957](https://doi.org/10.1109/ICADEIS52521.2021.9701957).
5. Akhmad Permadi, Adlan Al-Asytar, Ivana Chandra, Sonia Augustin, Vania Risriani, Virnia, Putri Amara, Tjandra Anggraeni, and **Nuning Nuraini**, A Mathematical Model for Estimating Post-mortem Interval on Wrapped and Unwrapped Carcasses, *AIP Conference Proceedings* (2021).
6. Muhammad Ridwan Reza Nugraha and **Nuning Nuraini**, Model of spreading the nature of corruption within a closed group, *AIP Conference Proceedings* 2264, 040005 (2020); doi: 10.1063/5.0023870.
7. M. Fachruddin, **Nuning Nuraini** and Saptu W. Indratno, Mathematical model of dengue transmission based on daily data in Bandung, *AIP Conference Proceedings* **2084**, 020013; (2019)
8. Anita Triska, Heni Widayani, **Nuning Nuraini**, Armed forces population dynamics: The effect of movement in state border, *AIP Conference Proceedings* 2084, 020007; (2019)

9. Annisa Fitri Nurahmi, Prama Setia Putra, and **Nuning Nuraini**, Investigation occurrences of turing pattern in Schnakenberg and Gierer-Meinhardt equation, AIP Conference Proceedings 1937, 020013 (2018);
10. Annisa Zulfa, Dewi Handayani, and **Nuning Nuraini**, A model of immunomodulatory for dengue infection, AIP Conference Proceedings 1937, 020024 (2018); doi: 10.1063/1.5026096
11. Sparisoma Viridi, **Nuning Nuraini**, Monica Stephanie, Ainur Rifqi, Dina Christina, Elsa Thania, and Erland Sihite, Flagellum motion in 2-D: Work rate and efficiency of the non-sinusoidal approach, AIP Conference Proceedings 1937, 020022 (2018); doi: 10.1063/1.5026094
12. Fariz Fahmi Fikri, and **Nuning Nuraini**, Use of artificial bee colonies algorithm as numerical approximation of differential equations solution, AIP Conference Proceedings 1937, 020007 (2018);
13. N. Sumarti, I. Nurrizky, and N. Nuraini, A mathematical model of interaction among humans, vampires and werewolves populations, AIP Conference Proceedings 1937, 020016 (2018); doi:10.1063/1.5026088.
14. N. Nuraini, S. Viridi, F. Haryanto, and S. N. Khotimah, Molecular dynamics simulation of microorganism motion in fluid based on granular model in the case of multiple simple push-pull filaments, AIP Conference Proceedings 1825, 020016 (2017); doi: 10.1063/1.4978985.
15. Muhammad Ridwan Reza Nugraha and Nuning Nuraini, Modelling of corruption repression by Komisi Pemberantasan Korupsi in Indonesia, AIP Conference Proceedings 1825, 020014 (2017); doi: 10.1063/1.4978983.
16. V. Lusiana, P. S. Putra, N. Nuraini, and E. Soewono, Mathematical modeling of transmission co-infection tuberculosis in HIV community, AIP Conference Proceedings 1825, 020012 (2017); doi: 10.1063/1.4978981.
17. Edwin Setiawan Nugraha, Janson Naiborhu, and Nuning Nuraini, Design of vaccination and fumigation on Host-Vector Model by input-output linearization method, AIP Conference Proceedings 1825, 020015 (2017); doi: 10.1063/1.4978984
18. M.Z. Al Muzakki and N. Nuraini, A vaccination strategy to SEIR-CA model, AIP Proceeding Vol. 1723,030002, 2016.

Hak Cipta

1. DBKLIM EC00202013764, 28 April 2020: A computer program designed to project humidity levels over the next five months as a potential indicator

for dengue fever, and to estimate the incidence rate of dengue fever over the next three months in five regions of DKI Jakarta.

2. SIMORA EC00202032582, 14 September 2020: A dengue fever model simulation program featuring a Graphical User Interface (GUI) that calculates five negative binomial models for dengue data. Each recommended model includes an error calculation, allowing users to select the most accurate model for predicting dengue fever incidence based on the data provided.
3. COVID METER EC00202039515, 13 October 2020: A website offering data and analysis regarding the spread of COVID-19 in Indonesia.
4. ERTECOVID EC00202297901, 1 December 2022: A computer program that calculates daily reproduction values using data from West Java.
5. NETWORK EC00202308650, 29 January 2023: A computer program that simulates the spread of COVID-19 among human interaction networks, taking into account three different variants of the virus.
6. BOOGY EC00202381824, 15 September 2023: A computer program designed to develop a booster vaccination strategy in West Java, Indonesia.
7. COMPUTER PROGRAM SIMULATION OF VACCINATION AND SELF-QUARANTINE STRATEGIES FOR FUTURE PANDEMIC, EC002023110811, 13 November 2023: A computer program that simulates vaccination and self-quarantine strategies for managing future pandemics.
8. DEVKLIM 2.0, EC002024203666, 10 Oktober 2024: A computer program developed to generate mosquito density maps by analyzing climate data, including humidity, temperature, and rainfall.

VII. PENGHARGAAN

No.	Nama Penghargaan	Pemberi penghargaan	Tahun
1.	Satyalancana Karya Satya X tahun	Presiden	2013
2.	Satyalancana Karya Satya XX tahun	Presiden	2022
3.	Penghargaan Dosen Terbaik bidang Penelitian KK MIK Dies FMIPA 75	FMIPA	2022
4.	Penghargaan Penelitian/Karya Inovasi Dies ITB 64	ITB	2023
5.	Penghargaan Karya 25 Tahun ITB	ITB	2024

VIII. LAIN-LAIN

No.	Kegiatan	Tempat	Tahun
1.	Satgas Covid-19 ITB	ITB	2020 - 2023
2.	Divisi data dan epidemiologi Jabar	Jawa Barat	2020 - 2022
3.	Presiden Indonesian Bio-Mathematical Society (IBMS)	Indonesia	2012-sekarang

ITB PRESS

📍 Gedung STP ITB, Lantai 1,
Jl. Ganesa No. 15F Bandung 40132
☎ +62 22 20469057
🌐 www.itbpress.id
✉ office@itbpress.id
Anggota Ikapi No. 043/JBA/92
APPTI No. 005.062.1.10.2018

**Forum Guru Besar
Institut Teknologi Bandung**

Jalan Dipati Ukur No. 4, Bandung 40132
E-mail: sekretariat-fgb@itb.ac.id
Telp. (022) 2512532

🌐 fgb.itb.ac.id  [FgbItb](#)  [FGB_ITB](#)
📧 @fgbitb_1920  [Forum Guru Besar ITB](#)

ISBN 978-623-297-624-5

