



INTISARI

ANALISIS KESTABILAN MODEL MATEMATIKA INFEKSI VIRUS CHIKUNGUNYA DENGAN LATENSI

Oleh

ALVINA PRAMAISSWARA

18/424254/PA/18359

Chikungunya merupakan penyakit yang menginfeksi manusia yang disebabkan oleh alphavirus yang disebarluaskan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus*. Individu yang terpapar virus chikungunya membutuhkan waktu sampai individu tersebut terinfeksi sehingga dapat menularkan penyakit. Pada individu manusia juga dibutuhkan waktu sampai penderitanya menunjukkan gejala klinis. Periode waktu yang dibutuhkan antara individu yang terpapar dan mulai menunjukkan gejala itu yang kemudian disebut sebagai periode laten. Infeksi akibat virus chikungunya diobati secara simptomatis yaitu dengan meredakan gejala-gejala klinisnya. Tujuan dari skripsi ini adalah membahas mengenai model matematika infeksi virus chikungunya dengan memodifikasi model SEIR yaitu dengan menambah bagian baru dari populasi manusia yang sedang dalam tahap pemulihan yang belum mencapai pemulihan total sehingga masih dapat menularkan penyakit. Selanjutnya, akan dilakukan analisis mengenai kestabilan dari titik ekuilibrium model tersebut. Simulasi numerik dilakukan untuk mendukung hasil analisis tersebut.



ABSTRACT

STABILITY ANALYSIS OF MATHEMATICAL MODEL OF CHIKUNGUNYA VIRUS INFECTION WITH LATENCY

By

ALVINA PRAMAIWARA

18/424254/PA/18359

Chikungunya is a disease that infects humans caused by the alphavirus, which is transmitted through the bite of the Aedes aegypti and Aedes albopictus mosquitoes. Individuals who are exposed to the chikungunya virus require time until they are infected and can transmit the disease. In humans, it also takes time for the patient to show clinical symptoms. The period of time required between exposure and the onset of symptoms is referred to as the latent period. Infection due to the chikungunya virus is treated symptomatically, by alleviating its clinical symptoms. The purpose of this undergraduate thesis is to discuss a mathematical model of chikungunya virus infection by modifying the SEIR model, by adding a new section for the human population that is in the stage of recovery but has not fully recovered and can still transmit the disease. Furthermore, an analysis of the stability of the equilibrium points of the model will be performed. Numerical simulations will be conducted to support the results of the analysis.