

## ESTIMASI BILANGAN REPRODUKSI DASAR PENYEBARAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH *DENGUE* DI KOTA BIMA TAHUN 2018 - 2020

Ariyanto<sup>1</sup>, Ganesha L. Putra<sup>2</sup>, Meksianis Z. Ndi<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Program Studi Matematika, Fakultas Sains dan Teknik, Universitas Nusa Cendana, Indonesia

<sup>1</sup>Email: [arivanto@staf.undana.ac.id](mailto:arivanto@staf.undana.ac.id)

### ABSTRAK

Tulisan ini bertujuan untuk mencari nilai estimasi bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) berdasarkan data lapangan di Kota Bima pada rentang waktu antara tahun 2018 hingga 2020. Model matematika yang digunakan adalah SIR-SI, yaitu populasi manusia (*host*) terdiri dari tiga kompartemen, yaitu kelompok rentan (*susceptible*), kelompok terinfeksi (*infected*), dan sembuh (*recovered*), sedangkan populasi nyamuk (*vector*) terdiri dari dua kompartemen yaitu rentan (*susceptible vector*) dan terinfeksi (*infected vector*). Teknik estimasi  $\mathcal{R}_0$  digunakan dengan asumsi dasar bahwa jumlah manusia dan nyamuk terinfeksi virus *dengue* tumbuh secara eksponensial. Luaran diperoleh adalah nilai  $\mathcal{R}_0 = 1,1$  karena nilai  $\mathcal{R}_0$  lebih besar satu maka memberi indikasi bahwa penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* di Kota Bima termasuk kategorik wabah

**Kata kunci:** model matematika, estimasi  $\mathcal{R}_0$ , Kota Bima

### ABSTRACT

This paper aims to find the estimated value of the basic reproduction number ( $\mathcal{R}_0$ ) based on field data in City of Bima in the period between 2018 and 2020. We use SIR-SI mathematical model where the population is divided into different compartment, namely the group susceptible, infected, and recovered, while the mosquito population consists of two compartment, namely susceptible vector and infected vector. The  $\mathcal{R}_0$  estimation technique is used with the basic assumption that the number of humans and mosquitoes infected with *dengue* virus grows exponentially. The output obtained is the value  $\mathcal{R}_0 = 1.1$ , because the of  $\mathcal{R}_0$  is greater than one it in indicates that the spread of *dengue* hemorrhagic fever in Bima City is categorized as an epidemic.

**Keywords:** mathematical model,  $\mathcal{R}_0$  estimation, Bima City

## 1. PENDAHULUAN

Demam berdarah merupakan salah satu penyakit yang ditularkan oleh nyamuk melalui gigitan nyamuk. Berdasarkan data Kementerian Kesehatan secara kumulatif ada 68.753 kasus demam berdarah *dengue* di Indonesia hingga tanggal 21 Juni 2020, dan ditemukan ada 100 – 500 kasus bisa ditemukan setiap harinya. Laporan dari Dinas Kesehatan Nusa Tenggara Barat sejak Januari 2020, tercatat ada 3.304 kasus baru ditemukan. Kasus demam berdarah *dengue* di Nusa Tenggara Barat (NTB) tertinggi ada di Kabupaten Lombok Barat dengan 1.106 kasus sedangkan Kota Bima terdapat 187 kasus.

Demam berdarah adalah penyakit infeksi virus yang ditularkan melalui perantara nyamuk. Virus *dengue* (DENV) termasuk kelompok *B Arthropod Borne Virus (Arboviroses)* dari genus *Flavivirus*. DENV mempunyai 4 jenis yaitu DENV-1, DENV-2, DENV-3, dan DENV-4. Virus ini ditularkan oleh nyamuk *Aedes sp* terutama *Aedes aegypti* [1], [2].

Salah satu elemen penting dalam analisis dinamika penyebaran penyakit adalah menentukan angka reproduksi dasar. Angka ini merupakan salah satu elemen penting yang dapat digunakan dalam menentukan tingkat keendemikan penyakit dalam satu wilayah [1], [3]–[6]. Kota Bima merupakan salah satu kota endemik demam berdarah tetapi perhitungan angka reproduksi dasar belum pernah dilakukan. Oleh karena itu, tulisan ini bertujuan untuk mencari nilai estimasi bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) berdasarkan data lapangan di Kota Bima pada rentang waktu antara tahun 2018 hingga 2020. Nilai bilangan reproduksi dasar yang realistik berbasis data lapangan perlu dicari nilainya agar memberi informasi yang baik dan valid bagi pengambil kebijakan dalam mengendalikan penyebaran penyakit demam berdarah *dengue*.

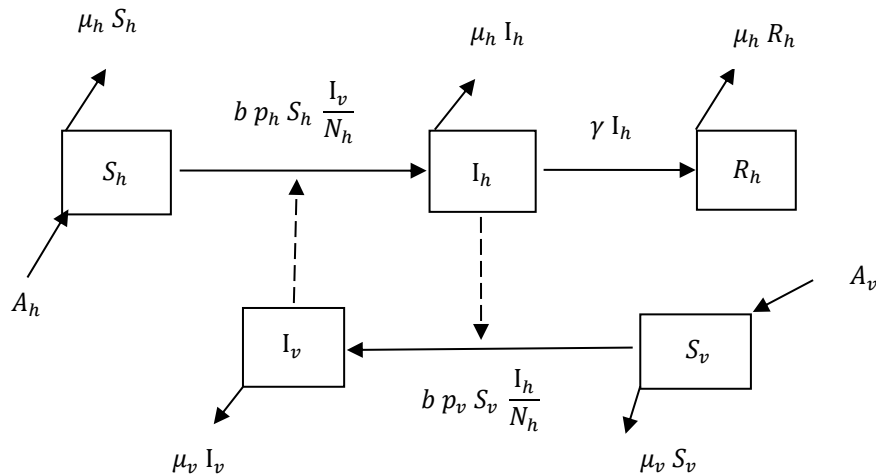
Model matematika adalah salah satu metode untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit pada suatu populasi [7]–[9]. Parameter model matematika untuk mengukur potensi penyebaran penyakit adalah bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ), yaitu jumlah infeksi baru yang dihasilkan oleh adanya satu individu terinfeksi dalam populasi [10]. Teknik estimasi  $\mathcal{R}_0$  digunakan dalam tulisan ini adalah dengan asumsi dasar bahwa jumlah manusia dan nyamuk terinfeksi virus *dengue* tumbuh secara eksponensial

sehingga diperoleh nilai *take-off rate* berdasarkan data lapangan. Nilai *take-off rate* merupakan kemiringan garis dari model eksponensial terbentuk berdasarkan *data fitting* total kasus infeksi.

## 2. MATERI DAN METODE

### Formulasi Model Matematika

Model matematika yang digunakan adalah model standar *host-vector* penyebaran demam berdarah yang sudah ada pada berbagai literature. Model standar itu kami gunakan sebagaimana pada referensi [11]. Keaslian dari naskah ini adalah perhitungan angka reproduksi dasar. Model matematika yang dimaksud adalah sebagai berikut. Pada model *host-vector*, diasumsikan bahwa tidak ada sumber makanan lain untuk nyamuk selain dari darah manusia, laju rekrutmen konstan, dan jumlah populasi  $N_h, V_v$  konstan. Populasi *host* terdiri dari tiga kompartemen, yaitu *susceptible host* ( $S_h$ ), *infected* ( $I_h$ ), dan *recovered* ( $R_h$ ), sedangkan populasi *vector* terdiri dari dua kompartemen yaitu *susceptible vector* ( $S_v$ ) dan *infected vector* ( $I_v$ ) [11]. Skema dari model kompartemen penularan virus *dengue* pada gambar 1.



Gambar 1. Skema pemodelan transmisi demam berdarah dengue

Model transmisi berdasarkan skema gambar 1 adalah:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_h}{dt} &= A_h - b p_h S_h \frac{I_v}{N_h} - \mu_h S_h \\
 \frac{dI_h}{dt} &= b p_h S_h \frac{I_v}{N_h} - \gamma I_h - \mu_h I_h \\
 \frac{dR_h}{dt} &= \gamma I_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dS_v}{dt} &= A_v - b p_v S_v \frac{I_h}{N_h} - \mu_v S_v \dots\dots\dots (1) \\
 \frac{dI_v}{dt} &= b p_v S_v \frac{I_h}{N_h} - \mu_v I_v
 \end{aligned}$$

dengan:

- $b$  : *biting rate* per ekor nyamuk ( $\text{bulan}^{-1}$ )
- $p_h$  : peluang sukses transmisi *dengue* pada manusia
- $p_v$  : peluang sukses transmisi *dengue* pada nyamuk
- $\mu_h$  : laju kematian alami manusia ( $\text{bulan}^{-1}$ )
- $\mu_v$  : laju kematian alami nyamuk ( $\text{bulan}^{-1}$ )
- $\gamma$  : laju kesembuhan pada manusia ( $\text{bulan}^{-1}$ )
- $A_h$  : laju rekrutmen pada manusia ( $\frac{\text{manusia}}{\text{bulan}}$ )
- $A_v$  : laju rekrutmen pada manusia ( $\frac{\text{nyamuk}}{\text{bulan}}$ )

Model di atas memiliki dua titik tetap yakni titik tetap bebas penyakit dan titik tetap endemik. Titik tetap diperoleh dengan membuat ruas kanan dari persamaan 1 menjadi nol yakni:  $\frac{dS_h}{dt} = 0, \frac{dI_h}{dt} = 0, \frac{dR_h}{dt} = 0, \frac{dS_v}{dt} = 0, \text{ dan } \frac{dI_v}{dt} = 0$ . Titik tetap bebas penyakit dari model 1 adalah:

$$E_0 = (S_{h0}, I_{h0}, R_{h0}, S_{v0}, I_{v0}) = \left( \frac{A_h}{\mu_h}, 0, 0, \frac{A_v}{\mu_v}, 0 \right) \dots\dots\dots (2)$$

dan titik kesetimbangan endemik dari model 1 adalah:

$$E_1 = (S_h^*, I_h^*, R_h^*, S_v^*, I_v^*) \dots\dots\dots (3)$$

dengan:

$$\begin{aligned} S_h^* &= \frac{\mu_v (\gamma + \mu_h) N_h^2 + \mu_v N_h N_v^2}{p_h \mu_h N_h + b p_h N_v} \\ I_h^* &= \frac{\mu_v \mu_h N_h (C-1)}{b p_v (\mu_h + b p_h \rho)} \\ R_h^* &= \frac{\mu_v N_h \gamma (C-1)}{b p_h (\mu_h + b p_h \rho)} \\ S_v^* &= \frac{p_h \mu_h N_h + b p_v p_h N_v}{b p_h (1 + b p_v \mu_h)} \\ I_v^* &= \frac{\mu_v \mu_h (\gamma + \mu_h) (C-1)}{b p_h (\mu_v (\gamma + \mu_h) + b \mu_h p_v)} \\ \text{dan } C &= \frac{b^2 p_h p_v}{\mu_v (\gamma + \mu_h)} \left( \frac{N_v}{N_h} \right) \dots\dots\dots (4) \end{aligned}$$

Selanjutnya, akan dicari nilai  $\mathcal{R}_0$  dengan menggunakan *next generation matrix*. The *next generation matrix* dicari dengan mengonstruksi vektor transmisi baru  $F$  dan vektor transisi  $V$  yakni:

$$F = \begin{pmatrix} b p_v \frac{S_h I_v}{N_h} \\ b p_v \frac{S_v I_h}{N_h} \end{pmatrix} \text{ dan } V = \begin{pmatrix} -\gamma I_h - \mu_h I_h \\ -\mu_v I_v \end{pmatrix}$$

Kemudian kita menurunkan Jacobian dari vektor di atas dengan mengambil turunan dari vektor di atas terhadap  $I_h$  dan  $I_v$  dan akan diperoleh matriks transmisi dan transisi  $F$  dan  $V$  kemudian dicari kebalikan dari matriks transisi  $V$  maka perkalian dari  $-FV^{-1}$  adalah *the next generation matrix* yakni:

$$NGM = \begin{bmatrix} 0 & \frac{b p_h}{\mu_v} \\ \frac{b p_v N_v}{N_h (\gamma + \mu_h)} & 0 \end{bmatrix} \dots\dots\dots (5)$$

NGM pada persamaan (5) memiliki dua nilai Eigen, yaitu:  $\pm \sqrt{\frac{b^2 p_h p_v \rho}{\mu_v (\gamma + \mu_h)}}$ . Oleh karena itu bilangan reproduksi dasar pada persamaan (1) adalah nilai Eigen terbesar, yaitu:

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\frac{b^2 p_h p_v \rho}{\mu_v (\gamma + \mu_h)}}, \text{ di mana } \rho = \frac{N_v}{N_h} \dots\dots\dots (6)$$

**Konstruksi estimasi  $\mathcal{R}_0$**

Konstruksi estimasi bilangan reproduksi dasar dilakukan dengan konsep pertumbuhan awal populasi terinfeksi sebagaimana yang dipaparkan pada [3], [12], [13]. Diasumsikan bahwa jumlah manusia dan nyamuk terinfeksi virus *dengue* tumbuh secara eksponensial dengan laju pertumbuhan yang sama, yaitu:

$$\begin{aligned} I_h(t) &\cong I_{h0} e^{\lambda t} \\ I_v(t) &\cong I_{v0} e^{\lambda t} \dots\dots\dots (7) \end{aligned}$$

di mana  $I_{h0}$  dan  $I_{v0}$  adalah konstan, dan  $\lambda$  adalah *take-off rate* pada awal kenaikan infeksi.

Selanjutnya, dengan melakukan substitusi persamaan 7 ke persamaan 1 maka diperoleh:

$$\frac{I_{h0}}{I_{v0}} = \frac{b p_h}{\gamma + \mu_h} \frac{1}{\left( \frac{\lambda}{\gamma + \mu_h} + 1 \right)} \dots\dots\dots (8)$$

$$\frac{I_{h0}}{I_{v0}} = \frac{\left( \frac{\lambda}{\mu_v} + 1 \right)}{\frac{b p_v N_v}{\mu_v N_h}} \dots\dots\dots (9)$$

Berdasarkan persamaan 8 dan persamaan 9 maka diperoleh  $\frac{b^2 p_h p_v \rho}{\mu_v (\gamma + \mu_h)} = \left( \frac{\lambda}{\gamma + \mu_h} + 1 \right) \left( \frac{\lambda}{\mu_v} + 1 \right)$  atau ekuivalen dengan:

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\left( \frac{\lambda}{\gamma + \mu_h} + 1 \right) \left( \frac{\lambda}{\mu_v} + 1 \right)} \dots\dots\dots (10)$$

Nilai  $\mathcal{R}_0$  pada persamaan 10 digunakan untuk mengestimasi  $\mathcal{R}_0$  pada persamaan 6.

Ndii [10] secara umum nilai bilangan reproduksi dasar memiliki tiga kemungkinan yaitu: (i) jika  $\mathcal{R}_0 < 1$  maka penyakit akan menghilang, (ii) jika  $\mathcal{R}_0 = 1$  maka penyakit akan menetap, dan (iii) jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka penyakit meningkat menjadi wabah.

**Analisis Matematika**

Lemma 1: Pada kondisi awal non-negatif, diketahui bahwa populasi non-negatif yakni  $S_h(0) \geq 0, I_h(0) \geq 0, R_h(0) \geq 0, S_v(0) \geq 0, I_v(0) \geq 0$ , maka penyelesaian dari  $S_h(t), I_h(t), R_h(t), S_v(t), I_v(t)$  dari model (1) selalu non-negatif untuk setiap waktu  $t > 0$ .

Bukti: Berdasarkan persamaan 1 maka diperoleh,

$$\begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= A_h - b p_h S_h \frac{I_v}{N_h} - \mu_h S_h, \\ \Leftrightarrow \frac{dS_h}{dt} &= A_h - \left[ b p_h \frac{I_v}{N_h} + \mu_h \right] S_h, \\ \Leftrightarrow \frac{dS_h}{dt} + \left[ b p_h \frac{I_v}{N_h} + \mu_h \right] S_h &= A_h, \\ \Leftrightarrow \frac{dS_h}{dt} e^P + \left[ b p_h \frac{I_v}{N_h} + \mu_h \right] S_h e^P &= A_h e^P, \end{aligned}$$

dimana  $P = \int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t$ .

Akibatnya adalah,

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} [S(t) e^P] &= A_h e^P, \\ \Leftrightarrow S_h(t) e^P - S_h(0) &= \int_0^t A_h e^P d\tau, \\ \Leftrightarrow S_h(t) &= S_h(0) e^{-\left[\int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t\right]} + A_h e^{-\left[\int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t\right]} \int_0^t e^{\left[\int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t\right]} d\tau, \end{aligned}$$

Karena  $S_h(0) e^{-\left[\int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t\right]} + A_h e^{-\left[\int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t\right]} \int_0^t e^{\left[\int_0^t b p_h \frac{I_v(\tau)}{N_h} d\tau + \mu_h t\right]} d\tau \geq 0$ , maka  $S_h(t) \geq 0$ .

Bukti untuk  $I_h(t) \geq 0, R_h(t) \geq 0, S_v(t) \geq 0, I_v(t) \geq 0$  dilakukan dengan cara yang sama.

Lemma 2: The *feasible region*  $\Omega$  yang didefinisikan sebagai:

$$\Omega = \left\{ (S_h, I_h, R_h, S_v, I_v) \in \mathbb{R}_+^5 : 0 \leq S_h + I_h + R_h \leq N_h, 0 \leq S_v + I_v \leq \frac{A}{\mu_v} \right\} \text{ adalah } \textit{positively invariant} \text{ untuk persamaan 1.}$$

Bukti: Misalkan  $L_1 = S_h + I_h + R_h$  maka diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{dL_1}{dt} &= \frac{dS_h}{dt} + \frac{dI_h}{dt} + \frac{dR_h}{dt} = A_h - \mu_h L_1, \\ \frac{dL_1}{dt} &= A_h - \mu_h L_1 \Rightarrow L_1(t) = N_h + L_1(0) e^{-\mu_h t} - N_h e^{-\mu_h t}, \\ t \rightarrow \infty \text{ maka } L_1(t) &\rightarrow N_h. \end{aligned}$$

Misalkan  $L_2 = S_v + I_v$  maka diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{dL_2}{dt} &= \frac{dS_v}{dt} + \frac{dI_v}{dt} = A_v - \mu_v L_2, \\ \frac{dL_2}{dt} &= A_v - \mu_v L_2 \Rightarrow L_2(t) = \frac{A_v}{\mu_v} + L_2(0) e^{-\mu_v t} - \frac{A_v}{\mu_v} e^{-\mu_v t}, \\ \text{untuk } t \rightarrow \infty \text{ maka } L_1(t) &\rightarrow N_h \text{ dan } L_2(t) \rightarrow \frac{A_v}{\mu_v}. \end{aligned}$$

Jadi,

$$0 \leq (L_1(t), L_2(t)) \leq \left( N_h + L_1(0) e^{-\mu_h t} - N_h e^{-\mu_h t}, \frac{A_v}{\mu_v} + L_1(0) e^{-\mu_h t} - \frac{A_v}{\mu_v} e^{-\mu_h t} \right),$$

Akibatnya, untuk  $t \rightarrow \infty$  maka diperoleh

$$0 \leq (L_1(t), L_2(t)) \leq \left( N_h, \frac{A_v}{\mu_v} \right)$$

Jadi,  $\Omega$  merupakan *positively invariant* untuk persamaan 1.

**3. HASIL DAN PEMBAHASAN**

Data individu terinfeksi demam berdarah *dengue* di kota Bima tahun 2018-2020 disajikan dalam tabel 1 [14]. Data pada tabel 1 diambil total infeksi, karena diasumsikan jumlah manusia dan nyamuk terinfeksi virus tumbuh secara eksponensial maka data total infeksi setelah diregresikan menggunakan *software* Minitab versi 18 diperoleh model yakni:

$$I(t) = 9,23 e^{0,13279 t} \dots\dots\dots (11)$$

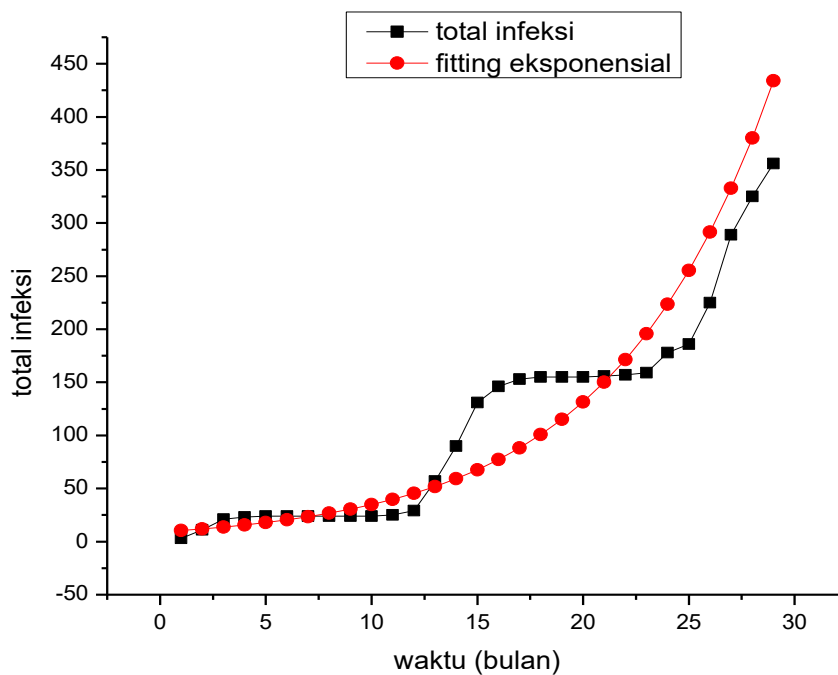
Dengan menggunakan *software* OriginLab versi 8 maka disajikan gambar total infeksi beserta *fitting data* seperti Gambar 2. Dengan menggunakan *software* Minitab, hasil analisis menunjukkan bahwa *r-squared* yang diperoleh adalah 88,54% dan diperoleh nilai *take-off rate* sebesar  $\lambda = 0,13279$ . Hubungan antar parameter *bioepidemiological* diberikan oleh tabel 2.

Nilai parameter laju kematian manusia yang digunakan merupakan satu per angka harapan hidup. Angka harapan hidup merupakan perkiraan angka harapan hidup penduduk di Bima, Nusa Tenggara Barat. Angka kematian nyamuk merupakan satu per angka harapan hidup nyamuk yang diperoleh dari literatur

dan laju kesembuhan merupakan satu per waktu rata-rata individu terserang demam berdarah hingga sembuh [1]. Nilai ini digunakan untuk mengestimasi angka reproduksi dasar di Kota Bima, Nusa Tenggara Barat.

Tabel 1. Data individu terinfeksi di NTB

Tahun 2018		Tahun 2019		Tahun 2020	
Januari	3	Januari	28	Januari	8
Februari	8	Februari	33	Februari	39
Maret	10	Maret	41	Maret	64
April	2	April	15	April	36
Mei	1	Mei	7	Mei	31
Juni	0	Juni	2	-	-
Juli	0	Juli	0	-	-
Agustus	0	Agustus	0	-	-
September	0	September	1	-	-
Oktober	0	Oktober	1	-	-
November	1	November	2	-	-
Desember	4	Desember	19	-	-



Gambar 2. Plot antara data dan simulasi model dari hasil estimasi parameter  
 Tabel 2. Deskripsi dan nilai parameter

Notasi	Definisi	Nilai
$\mu_h$	Laju kematian manusia	$\frac{1}{70 \times 365} \frac{1}{\text{hari}} = 0,0012 \frac{1}{\text{bulan}}$
$\mu_v$	Laju kematian nyamuk	$\frac{1}{30} \frac{1}{\text{hari}} = 1 \frac{1}{\text{bulan}}$
$\gamma$	Laju kesembuhan manusia	$\frac{1}{8} \frac{1}{\text{hari}} = 3,75 \frac{1}{\text{bulan}}$

Jadi, Nilai estimasi  $\mathcal{R}_0$  pada tahun 2018 sampai 2020 adalah  $\mathcal{R}_0 = \sqrt{\left(\frac{\lambda}{\gamma + \mu_h} + 1\right) \left(\frac{\lambda}{\mu_v} + 1\right)} = \sqrt{\left(\frac{0,13279}{0,0012 + 3,75} + 1\right) \left(\frac{0,13279}{1} + 1\right)} = 1,1$ . Karena nilai estimasi kedua  $\mathcal{R}_0$  lebih besar satu maka memberi gambaran bahwa penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* di Kota Bima tahun 2018 hingga 2020 masuk kategorik wabah.

#### 4. KESIMPULAN DAN SARAN

Makalah ini membahas tentang estimasi angka reproduksi dasar di Kota Bima Nusa Tenggara Barat. Model yang digunakan adalah model standar *host-vector* yang diperoleh pada literatur. Model tersebut membagi populasi kedalam kelompok yang berbeda sesuai dengan statusnya terhadap penyakit. Dalam melakukan estimasi angka reproduksi dasar, diasumsikan bahwa pertumbuhan awal populasi individu terinfeksi mengikuti fungsi eksponensial. Pendekatan ini dapat dilihat pada beberapa literatur [1], [13], [15]. Hasil penelitian menunjukkan bahwa nilai estimasi bilangan reproduksi dasar berdasarkan data lapangan di Kota Bima pada tahun 2018-2020 adalah  $\mathcal{R}_0 = 1,1$ . Hasil ini memberi gambaran bahwa penyebaran penyakit demam berdarah *dengue* di Kota Bima tahun 2018 hingga tahun 2020 masuk kategorik endemik. Hasil ini menunjukkan bahwa Kota Bima merupakan daerah endemik demam berdarah sehingga perlu dilakukan penangan yang tepat dalam upaya mengurangi laju penularan demam berdarah.

#### UCAPAN TERIMAKASIH

Penelitian ini dibiayai oleh dana penelitian dari Fakultas Sains dan Teknik

#### DAFTAR PUSTAKA

- [1] M. Z. Ndi, N. Anggriani, J. J. Messakh, and B. S. Djahi, "Estimating the reproduction number and designing the integrated strategies against dengue," *Results Phys.*, vol. 27, p. 104473, Aug. 2021, doi: [10.1016/j.rinp.2021.104473](https://doi.org/10.1016/j.rinp.2021.104473).
- [2] M. Z. Ndi, R. I. Hickson, D. Allingham, and G. N. Mercer, "Modelling the transmission dynamics of dengue in the presence of Wolbachia," *Math. Biosci.*, vol. 262, pp. 157–166, Apr. 2015, doi: [10.1016/j.mbs.2014.12.011](https://doi.org/10.1016/j.mbs.2014.12.011).
- [3] G. Chowell *et al.*, "Estimation of the reproduction number of dengue fever from spatial epidemic data," *Math. Biosci.*, vol. 208, no. 2, pp. 571–589, Aug. 2007, doi: [10.1016/j.mbs.2006.11.011](https://doi.org/10.1016/j.mbs.2006.11.011).
- [4] M. K. Enduri and S. Jolad, "Estimation of reproduction number and non stationary spectral analysis of dengue epidemic," *Math. Biosci.*, vol. 288, pp. 140–148, Jun. 2017, doi: [10.1016/j.mbs.2017.03.007](https://doi.org/10.1016/j.mbs.2017.03.007).
- [5] A. K. Supriatna, "Estimating the basic reproduction number of dengue transmission during 2002-2007 outbreaks in Bandung, Indonesia," Dec. 2009, [Online]. Available: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/170937>.
- [6] R. P. Sanches and E. Massad, "A comparative analysis of three different methods for the estimation of the basic reproduction number of dengue," *Infect. Dis. Model.*, vol. 1, no. 1, pp. 88–100, Oct. 2016, doi: [10.1016/j.idm.2016.08.002](https://doi.org/10.1016/j.idm.2016.08.002).
- [7] R. Hurint, M. Lobo, and M. Z. Ndi, "Analisis Sensitivitas Model Epidemi SEIR," *Natural Science: Journal of Science and Technology*, vol. 6, no. 1, 2017.
- [8] Y. A. Adi, F. Adi-Kusumo, L. Aryati, and M. S. Hardianti, "A Dynamic Model of PI3K/AKT Pathways in Acute Myeloid Leukemia," *J. Appl. Math.*, vol. 2018, p. 2983138, Nov. 2018, doi: [10.1155/2018/2983138](https://doi.org/10.1155/2018/2983138).
- [9] Y. A. Adi, "A Within-host Tuberculosis Model Using Optimal Control," *Jurnal Teori dan Aplikasi Matematika*, vol. 5, no. 1, 2020.
- [10] M. Z. Ndi, *Pemodelan Matematika Dinamika Populasi Dan Penyebaran Penyakit Teori, Aplikasi, Dan Numerik*. Deepublish, 2018.
- [11] Jafaruddin, S. W. Indratno, N. Nuraini, A. K. Supriatna, and E. Soewono, "Estimation of the Basic Reproductive Ratio for Dengue Fever at the Take-Off Period of Dengue Infection," *Comput. Math. Methods Med.*, vol. 2015, p. 206131, Aug. 2015, doi: [10.1155/2015/206131](https://doi.org/10.1155/2015/206131).
- [12] J. Ma, "Estimating epidemic exponential growth rate and basic reproduction number," *Infect. Dis. Model.*, vol. 5, pp. 129–141, Jan. 2020, doi: [10.1016/j.idm.2019.12.009](https://doi.org/10.1016/j.idm.2019.12.009).
- [13] C. Favier *et al.*, "Early determination of the reproductive number for vector-borne diseases: the case of dengue in Brazil," *Trop. Med. Int. Health*, vol. 11, no. 3, pp. 332–340, Mar. 2006, doi: [10.1111/j.1365-3156.2006.01560.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-3156.2006.01560.x).
- [14] Dinas Kesehatan Kota Bima, "Data Demam Berdarah," Bima, 2020.
- [15] E. M. Banni, M. A. Kleden, M. Lobo, and M. Z. Ndi, "Estimasi Reproduction Number Model Matematika Penyebaran Malaria di Sumba Tengah, Indonesia," *Jambura Journal of Biomathematics*, vol. 2, no. 1, pp. 13–19, 2021.