
**MODEL MATEMATIKA TERHADAP PENYEBARAN VIRUS
AVIAN INFLUENZA TIPE-H5N1 PADA POPULASI MANUSIA**

Dian Permana Putri¹, Herri Sulaiman²

FKIP, Pendidikan Matematika, Universitas Swadaya Gunung Jati Cirebon

hs_msc@yahoo.com²

Abstrak

Seperti yang dikutip dari *Centers of Disease Control and Prevention*, Avian Influenza (AI), atau sering disebut dengan flu burung adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus H5N1 yang telah bermutasi dengan *virus influenza* sehingga dapat menyerang pada manusia. Virus H5N1 ini diklasifikasikan ke dalam dua kategori yaitu patogenik rendah dan tinggi yang mengacu pada kemampuan virus untuk menyebabkan penyakit parah yang menyerang sistem pernapasan pada manusia. Manusia yang memiliki resiko tertinggi untuk tertular dari virus ini yaitu anak-anak karena sistem pertahanan tubuh atau *immunitas* cenderung lebih rendah dibandingkan dengan manusia dewasa. Pada makalah jurnal ini, untuk mempresentasikan pola penyebaran virus Avian Influenza pada manusia dibuat ke dalam bentuk model matematika dengan menggunakan Sistem Persamaan Diferensial Nonlinear (PDNL). Dari fakta yang ada mengenai virus Avian Influenza, dibentuk asumsi yang nantinya digunakan untuk membuat model matematika. Setelah model matematika terbentuk lebih lanjut dicari titik ekuilibrium model dan dianalisis apakah titik ekuilibrium yang ditemukan stabil asimtotik atau tidak, kemudian diakhir penelitian ditentukan simulasi numeris dengan membuat plot/grafik dari sistem model matematika agar dapat diinterpretasikan pada keadaan yang sebenarnya.

Kata kunci : *Avian Influenza*, Pemodelan Matematika, Titik Ekuilibrium, Kestabilan

A. PENDAHULUAN

Virus Avian Infleuenza Tipe H5N1 atau dikenal dengan istilah flu burung pada awalnya diketahui hanya bisa menular antar sesama unggas saja, kemudian virus ini menciptakan mutasi gen baru yang dapat juga menyerang pada manusia. Mutasi dari virus ini dapat menginfeksi manusia yang berkontak langsung dengan sekresi unggas yang telah terinfeksi. Manusia yang cenderung memiliki resiko tertinggi untuk tertular adalah anak-anak karena memiliki daya tahan tubuh yang lebih lemah, pekerja peternakan unggas, penjual dan penjamah unggas, dan pemilik unggas peliharaan di rumah. Penderita (dalam hal ini manusia) yang diduga mengidap virus ini disebut penderita suspect flu burung dimana penderita pernah mengunjungi peternakan yang berada di daerah terjangkit flu burung, atau bekerja

dalam laboratorium yang sedang meneliti kasus flu burung atau berkontak dengan unggas dalam waktu beberapa hari terakhir.

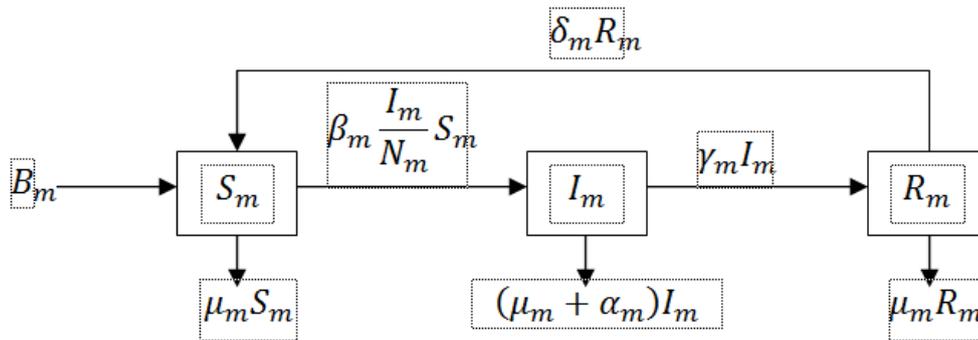
Model matematika dari penularan virus ini diperkenalkan untuk lebih memahami kompleksitas epidemiologi penyakit flu burung dan munculnya pandemi dari flu burung. Pada makalah ini, akan ditentukan analisis kualitatif dari model penularan virus H5N1 untuk mendapatkan bilangan reproduksi dasar R_0 , dimana R_0 bertujuan untuk mengetahui adanya penularan penyakit atau tidak adanya penularan penyakit melalui analisis stabilitas dari titik ekuilibrium bebas penyakit maupun titik ekuilibrium endemik. Model matematika yang akan digunakan adalah model penularan virus H5N1 pada manusia dengan menggunakan model tipe SIR. SIR merupakan pengelompokan pada populasi manusia yang dibagi menjadi tiga kompartemen yaitu manusia yang rentan, manusia yang terinfeksi. dan manusia yang sembuh.

B. TINJAUAN PUSTAKA

Pada kasus penyebaran virus H5N1 untuk populasi manusia ini dapat dibagi menjadi tiga kelas. Kelas yang pertama adalah populasi manusia yang masuk ke dalam kelas rentan (*susceptible*) yaitu individu manusia yang sehat namun rentan terinfeksi virus H5N1. Dengan demikian, banyaknya populasi manusia yang masuk ke dalam kelas rentan (*susceptible*) ini dapat dinyatakan dengan S_m . Kelas yang kedua adalah populasi manusia yang masuk ke dalam kelas infeksi (*infected*) yaitu individu manusia yang terinfeksi virus H5N1 yang telah bermutasi, dan dapat menularkan virus ini pada manusia sehat lainnya. Sehingga, banyaknya manusia yang masuk ke dalam kelas infeksi (*infected*) ini dapat dinyatakan dengan I_m . Lebih lanjut, kelas ketiga adalah populasi manusia yang masuk ke dalam kelas sembuh (*recovered*) yaitu individu manusia yang sembuh dari infeksi virus H5N1. Pada penelitian ini diasumsikan bahwa individu manusia yang terinfeksi virus H5N1 dapat sembuh dengan perawatan dan karantina yang optimal dan dianggap bahwa manusia yang sembuh dari infeksi virus H5N1 ini akan kembali terinfeksi atau terjangkit dari virus H5N1 karena mengingat sifat dan tipe dari virus H5N1 yang mudah untuk bermutasi. Sehingga, banyaknya populasi manusia yang masuk ke dalam kelas sembuh (*recovered*) ini dapat dinyatakan dengan R_m . Dengan demikian dapat disimpulkan bahwa jumlahan dari banyaknya individu manusia yang berada di dalam suatu populasi adalah $N_m = S_m + I_m + R_m = 1$. Dalam perkembangannya akan terdapat populasi manusia yang bertambah karena adanya faktor kelahiran dan imigrasi yang dapat dinyatakan dengan B_m . Manusia yang berada di posisi

kelas rentan, pada saat melakukan atau terjadinya kontak atau interaksi dengan manusia lain yang terinfeksi oleh virus H5N1 akan memberikan penambahan terhadap populasi manusia yang terinfeksi dengan laju sebesar β_m karena adanya kemungkinan manusia yang rentan akan terjangkit dari virus H5N1 yang dalam hal ini mengingat sifat dari virus H5N1 yang menular.

Manusia yang berada di dalam kelas rentan (*susceptible*) dapat mengalami kematian secara alami atau terjadinya perpindahan lokasi tempat tinggal (migrasi) yang dapat dinyatakan dengan μ_m . Namun, pada manusia yang berada di dalam kelas infeksi (*infected*) selain mengalami kematian secara alami atau migrasi, manusia di kelas ini juga mengalami kematian yang disebabkan oleh virus H5N1 yang dapat dinyatakan dengan α_m . Setelah terinfeksi dari virus H5N1, manusia melakukan perawatan, karantina dan pengobatan sehingga dapat sembuh (*recovered*) atau terbebas dari virus H5N1 dengan laju kesembuhan sebesar γ_m . Lebih lanjut individu manusia yang telah sembuh atau terbebas dari virus H5N1 kemungkinan akan kembali terinfeksi atau terjangkit oleh virus H5N1 mengingat sifat atau karakter dari virus H5N1 yang mudah sekali untuk bermutasi, sehingga laju efektivitas dari individu manusia yang sembuh dan memiliki peluang untuk kembali terinfeksi virus H5N1 yang dapat dinyatakan dengan δ_m . Dengan demikian, dari penjelasan di atas maka didapat diagram transfer untuk model penyebaran virus H5N1 pada populasi manusia sebagai berikut :



Gambar.1 Diagram Transfer Penyebaran Virus H5N1 Pada Populasi Manusia

Dari gambar 1 di atas terlihat bahwa populasi manusia dapat dibagi ke dalam tiga kelas yaitu kelas rentan (S_m), kelas terinfeksi (I_m) dan kelas sembuh R_m . Di dalam penelitian ini diasumsikan bahwa populasi manusia sembuh memiliki peluang untuk terinfeksi atau terjangkit kembali oleh virus H5N1, sehingga model matematika penyebaran virus H5N1 pada populasi manusia ini mengacu pada model matematika epidemiologi *SIRS*. Berdasarkan asumsi-asumsi dan diagram transfer yang telah dibentuk, maka model matematika untuk penyebaran virus

H5N1 pada populasi manusia dapat dituliskan ke dalam bentuk Persamaan Diferensial Nonlinear (PDNL) sebagai berikut :

$$\begin{aligned} \frac{dS_m}{dt} &= B_m - \left(\beta_m \frac{I_m}{N_m} + \mu_m \right) S_m + \delta_m R_m, \\ \frac{dI_m}{dt} &= \beta_m \frac{I_m}{N_m} S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) I_m, \\ \frac{dR_m}{dt} &= \gamma_m I_m - (\mu_m + \delta_m) R_m. \end{aligned} \tag{2.1}$$

Dari Sistem persamaan (2.1) di atas jelas bahwa banyaknya individu manusia yang berada di dalam suatu populasi adalah $N_m = 1$, sehingga dapat dibuat ke dalam bentuk model matematika yang lebih sederhana agar lebih mudah dalam menentukan solusi eksaknya. Dengan demikian Sistem persamaan (2.1) di atas akan berubah menjadi :

$$\begin{aligned} \frac{dS_m}{dt} &= B_m - \beta_m I_m S_m - \mu_m S_m + \delta_m R_m, \\ \frac{dI_m}{dt} &= \beta_m I_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) I_m, \\ \frac{dR_m}{dt} &= \gamma_m I_m - (\mu_m + \delta_m) R_m. \end{aligned} \tag{2.2}$$

dan diberikan nilai awal sebagai berikut : $S_m(0) = (S_m)_0 > 0$, $I_m(0) = (I_m)_0 > 0$, $R_m(0) = (R_m)_0 > 0$ dan diasumsikan untuk $B_m, \beta_m, \mu_m, \alpha_m, \delta_m$, dan $\gamma_m > 0$.

Lebih lanjut dari persamaan (2.2) di atas, penambahan jumlah individu dari populasi manusia yang masuk ke dalam kelas rentan (S_m), populasi manusia yang masuk ke dalam kelas infeksi (I_m) dan jumlah individu populasi manusia yang masuk ke dalam kelas sembuh (R_m) maka diperoleh jumlah total dari seluruh populasi manusia yang dapat dinyatakan dengan $\frac{dN_m}{dt}$ yaitu :

$$\begin{aligned} \frac{dN_m}{dt} &= \frac{dS_m}{dt} + \frac{dI_m}{dt} + \frac{dR_m}{dt} \\ &= B_m - \beta_m I_m S_m - \mu_m S_m + \delta_m R_m + \beta_m I_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) I_m + \\ &\quad \gamma_m I_m - (\mu_m + \delta_m) R_m, \\ &= B_m - \mu_m S_m - \mu_m I_m - \alpha_m I_m - \mu_m R_m, \\ &= B_m - (S_m + I_m + R_m) \mu_m - \alpha_m I_m, \end{aligned}$$

Karena $N_m = S_m + I_m + R_m$ maka persamaan di atas menjadi :

$$\frac{dN_m}{dt} = B_m - N_m \mu_m - \alpha_m I_m. \tag{2.2.1}$$

Dengan demikian persamaan total dari populasi unggas yang ditulis dengan $\frac{dN_m}{dt} = \dot{N}_m$ dapat diartikan sebagai laju pertumbuhan alami dari populasi manusia dengan setiap kelahiran menjadi manusia baru akan mengalami pengurangan yang disebabkan oleh kematian alami manusia ataupun migrasi dan kematian manusia akibat terinfeksi virus H5N1.

C. METODOLOGI PENELITIAN

Penelitian mengenai model penularan virus H5N1 pada populasi manusia diawali dengan studi literatur mengenai sifat-sifat dan karakteristik virus H5N1 kemudian disusun asumsi-asumsi berdasarkan kondisi sebenarnya seperti adanya laju kelahiran, kematian, laju kontak populasi rentan dengan populasi terinfeksi, dan lain sebagainya. Dari fakta dan asumsi yang didapatkan maka dibentuk suatu diagram transfer dari penularan virus H5N1 pada populasi manusia. Setelah itu dibentuk model matematika yang mewakili dari diagram transfer tersebut. Model matematika dalam penelitian ini merupakan Sistem Persamaan Diferensial Nonlinear. Dari sistem ini akan ditentukan titik ekuilibrium endemik dan titik ekuilibrium bebas penyakit dari populasi manusia. Linearisasi dari sistem nonlinear dilakukan untuk mempelajari solusi disekitar titik ekuilibrium karena sulit menemukan solusi eksak dari sistem nonlinear. Linearisasi dapat dilakukan dengan menggunakan matriks Jacobian kemudian sifat kestabilan titik ekuilibrium dapat dianalisis dari nilai eigen matriks Jacobian dari masing-masing titik ekuilibriumnya. Untuk menentukan nilai eigen dapat digunakan Kriteria Routh-Hurwitz. Selanjutnya dianalisis perilaku penularan virus H5N1 dengan simulasi numerik. Simulasi dilakukan dengan mensubstitusikan parameter-parameter yang diperoleh berdasarkan asumsi-asumsi yang telah dibuat. Untuk mempermudah menganalisis data, simulasi dilakukan dengan bantuan program Matlab versi R.2011.A. Hasil dari simulasi ini berupa grafik solusi yang menggambarkan perilaku model penularan virus H5N1 pada populasi manusia dalam keadaan yang sebenarnya.

D. HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

D.1. Model Penyebaran Virus H5N1 Pada Populasi Unggas

Berikut ini akan diberikan lemma yang membahas bahwa solusi dari Sistem (2.2) yang memenuhi kondisi awal $S_m(0) = (S_m)_0 > 0$, $I_m(0) = (I_m)_0 > 0$ dan $R_m(0) = (R_m)_0 > 0$ bernilai positif.

Lemma D.1.1 (Keterbatasan Solusi dan Himpunan Invarian Positif)

Jika $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ adalah solusi pada Sistem (4.10) yang memenuhi kondisi awal $S_m(0) = (S_m)_0 > 0$, $I_m(0) = (I_m)_0 > 0$ dan $R_m(0) = (R_m)_0 > 0$ maka $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t) > 0$.

Bukti :

Dari persamaan kedua pada Sistem (2.2) didapat :

$$\frac{dI_m}{dt} = \beta_m I_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) I_m \quad , \quad (4.1)$$

jika kedua ruas pada Persamaan (4.1) diintegrasikan akan didapat :

$$\begin{aligned} \int \frac{dI_m}{I_m} &= \int [\beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)] dt \quad , \\ \Leftrightarrow \ln I_m &= \int [\beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)] dt + C \quad , \\ \Leftrightarrow I_m(t) &= e^{\int [\beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)] dt + C} \quad , \\ \Leftrightarrow I_m(t) &= e^{\int [\beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)] dt} e^C \quad , \\ \Leftrightarrow I_m(t) &= C \cdot e^{\int [\beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)] dt} \quad , \end{aligned}$$

dengan syarat awal $I_m(0) = (I_m)_0 > 0 = C$ maka :

$$\Leftrightarrow I_m(t) = (I_m)_0 \cdot e^{\int [\beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)] dt} > 0 \text{ untuk semua } t > 0 .$$

Andaikan solusi pertama pada Sistem (2.2) memenuhi $S_m(t) \leq 0$. Dipilih t_0 adalah titik awal pada sumbu t yang menyebabkan $S_m(t) = 0$. Pada saat $S_m(t) = 0$, dari persamaan pertama pada Sistem (2.2) didapatkan $\left. \frac{dS_u}{dt} \right|_{t=t_0} = B_m + \delta_m R_m > 0$. Untuk titik t yang dekat dengan t_0 dimana $t < t_0$ pasti ada $S_m(t) < 0$, hal ini kontradiksi dengan pengandaian bahwa solusi Sistem dari (2.2) yaitu $S_m(t) \leq 0$. Oleh karena itu $S_m(t) > 0$. Pada saat $R_m(t) = 0$, dari persamaan ketiga pada Sistem (2.2) didapatkan $\left. \frac{dR_m}{dt} \right|_{t=t_0} = \gamma_m I_m > 0$. Untuk titik t yang dekat dengan t_0 dimana $t < t_0$ pasti ada $R_m(t) < 0$, hal ini kontradiksi dengan pengandaian bahwa solusi Sistem dari (2.2) yaitu $R_m(t) \leq 0$. Oleh karena itu $R_m(t) > 0$.

Jadi terbukti bahwa solusi Sistem (2.2) yang memenuhi kondisi awal $S_m(0) = (S_m)_0 > 0$, $I_m(0) = (I_m)_0 > 0$ dan $R_m(0) = (R_m)_0 > 0$ bernilai positif. ■

Selanjutnya, akan dibahas bahwa semua solusi dari Sistem (2.2) akan berada pada daerah penyelesaian :

$$\varphi = \{(S_m, I_m, R_m) \in R_{+0}^3 | 0 \leq S_m; 0 \leq I_m; 0 \leq R_m; S_m + I_m + R_m \leq \dot{N}_m \leq 1\}, \forall S_m, I_m, R_m \geq 0.$$

Teorema D.1.2

Pada saat $t \rightarrow \infty$, semua solusi pada Sistem (2.2) akan berada pada :

$$\varphi = \{(S_m, I_m, R_m) \in R_{+0}^3 | 0 \leq S_m; 0 \leq I_m; 0 \leq R_m; S_m + I_m + R_m \leq \dot{N}_m \leq 1\}, \forall S_m, I_m, R_m \geq 0.$$

Lemma D.1.3

Himpunan $R_{+0}^3 = \{(S_m, I_m, R_m) : S_m \geq 0, I_m \geq 0, R_m \geq 0\}$ merupakan himpunan invarian positif terhadap Sistem (2.2).

Bukti :

Akan dibuktikan bahwa himpunan R_{+0}^3 merupakan himpunan invarian positif terhadap Sistem (2.2) artinya jika untuk sebarang syarat awal $x_0 = (S_{m_0}, I_{m_0}, R_{m_0}) \in R_{+0}^3$ maka solusi Sistem (2.2) yaitu $x(t) = (S_m(t), I_m(t), R_m(t))$ dengan syarat $x(t)$ tersebut $\in R_{+0}^3$ untuk $t \geq 0$. Dari persamaan (2.2) diperoleh :

- i. Pada saat $S_{m_0} = 0$, maka $\left. \frac{dS_m}{dt} \right|_{S_{m_0}=0} = B_m + \delta_m R_m \geq 0$. Oleh karena itu solusi $S_m(t) \geq 0$ dengan syarat $B_m + \delta_m R_m \geq 0$.
- ii. Pada saat $I_{m_0} = 0$, maka $\left. \frac{dI_m}{dt} \right|_{I_{m_0}=0} = 0$, itu artinya $I_m(t) = 0$ untuk $I_{m_0} = 0$, telah dibuktikan pada Lemma 4.1.1 bahwa untuk $I_{m_0} > 0$ maka $I_m(t) > 0$. Oleh karena itu $I_m(t) \geq 0$, untuk syarat awal $I_{m_0} \geq 0$.
- iii. Pada saat $R_{m_0} = 0$, maka $\left. \frac{dR_m}{dt} \right|_{R_{m_0}=0} = \gamma_m I_m \geq 0$. Telah dibuktikan pada bagian ii bahwa untuk $I_{m_0} > 0$ maka $I_m(t) > 0$. Oleh karena itu solusi $R_m(t) \geq 0$ dengan syarat $\gamma_m I_m \geq 0$.

Berdasarkan penjabaran di atas dapat disimpulkan bahwa dengan syarat awal $S_{m_0} \geq 0, I_{m_0} \geq 0$ dan $R_{m_0} \geq 0$ maka akan didapatkan solusi Sistem (2.2) yaitu $S_m(t) \geq 0, I_m(t) \geq 0$ dan $R_m(t) \geq 0$. Dengan demikian terbukti bahwa R_{+0}^3 merupakan himpunan invarian positif. ■

D.1.2 Eksistensi dan Kestabilan Titik Ekuilibrium

Berikut ini akan dicari titik ekuilibrium pada Sistem (2.2). Diperhatikan Sistem (2.2), lebih lanjut didefinisikan untuk fungsi-fungsi sebagai berikut :

$$\begin{aligned} f_1(S_m, I_m, R_m) &= B_m - \beta_m I_m S_m - \mu_m S_m + \delta_m R_m \\ f_2(S_m, I_m, R_m) &= \beta_m I_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) I_m \\ f_3(S_m, I_m, R_m) &= \gamma_m I_m - (\mu_m + \delta_m) R_m \end{aligned} \tag{4.2}$$

dan $\mathbf{f}(S_m, I_m, R_m) = (f_1, f_2, f_3)^T$.

Lemma 4.1.4

Diberikan $R_0 = \frac{\beta_m B_m}{(\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) \mu_m}$,

- i. Jika $R_0 < 1$, maka Sistem (4.10) mempunyai dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas infeksi dari virus H5N1 dengan $E_0 = (0,0,0)$ dan $E_1 = \left(\frac{B_m}{\mu_m}, 0,0\right)$.
- ii. Jika $R_0 > 1$, maka Sistem (4.10) mempunyai dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas infeksi dari virus H5N1 dengan $E_1 = \left(\frac{B_m}{\mu_m}, 0,0\right)$ dan titik ekuilibrium endemik yang berarti virus H5N1 masih terus ada dimana $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*)$ dengan $S_m^* = \frac{\mu_m + \alpha_m + \gamma_m}{\beta_m}, I_m^* = \frac{B_m \beta_m - \mu_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)}{\beta_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)}$

$$\text{dan } R_m^* = \frac{\gamma_m}{(\mu_m + \delta_m)} \left(\frac{B_m \beta_m - \mu_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)}{\beta_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) (\mu_m + \delta_m)} \right)$$

Berikut ini akan dianalisis kestabilan titik ekuilibrium dari Sistem (2.2) yang berdasarkan nilai eigen matriks Jacobian untuk fungsi (4.2).

Lemma D.1.5

Matriks Jacobian fungsi $\mathbf{f} = (f_1, f_2, f_3)^T$ yang didefinisikan pada (4.2) di (S_m, I_m, R_m) adalah :

$$D\mathbf{f}(S_m, I_m, R_m) = \begin{bmatrix} -(\beta_m I_m + \mu_m) & -\beta_m S_m & \delta_m \\ \beta_m I_m & \beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) & 0 \\ 0 & \gamma_m & -(\mu_m + \delta_m) \end{bmatrix}.$$

Bukti :

Karena :

$$\begin{aligned} \frac{\partial f_1}{\partial S_m} &= -(\beta_m I_m + \mu_m), & \frac{\partial f_1}{\partial I_m} &= -\beta_m S_m, & \frac{\partial f_1}{\partial R_m} &= \delta_m, \\ \frac{\partial f_2}{\partial S_m} &= \beta_m I_m, & \frac{\partial f_2}{\partial I_m} &= \beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m), & \frac{\partial f_2}{\partial R_m} &= 0, \\ \frac{\partial f_3}{\partial S_m} &= 0, & \frac{\partial f_3}{\partial I_m} &= \gamma_m, & \frac{\partial f_3}{\partial R_m} &= -(\mu_m + \delta_m). \end{aligned}$$

Maka diperoleh matriks Jacobian untuk fungsi $\mathbf{f} = (f_1, f_2, f_3)^T$ yang didefinisikan pada (4.2) di (S_m, I_m, R_m) adalah :

$$D\mathbf{f}(S_m, I_m, R_m) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S_m}(S_m, I_m, R_m) & \frac{\partial f_1}{\partial I_m}(S_m, I_m, R_m) & \frac{\partial f_1}{\partial R_m}(S_m, I_m, R_m) \\ \frac{\partial f_2}{\partial S_m}(S_m, I_m, R_m) & \frac{\partial f_2}{\partial I_m}(S_m, I_m, R_m) & \frac{\partial f_2}{\partial R_m}(S_m, I_m, R_m) \\ \frac{\partial f_3}{\partial S_m}(S_m, I_m, R_m) & \frac{\partial f_3}{\partial I_m}(S_m, I_m, R_m) & \frac{\partial f_3}{\partial R_m}(S_m, I_m, R_m) \end{bmatrix}.$$

atau :

$$D\mathbf{f}(S_m, I_m, R_m) = \begin{bmatrix} -(\beta_m I_m + \mu_m) & -\beta_m S_m & \delta_m \\ \beta_m I_m & \beta_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) & 0 \\ 0 & \gamma_m & -(\mu_m + \delta_m) \end{bmatrix}.$$

Pada teorema berikut ini akan dibahas mengenai kestabilan titik ekuilibrium bebas infeksi dari virus H5N1 yaitu $E_0 = (0,0,0)$ dan $E_1 = \left(\frac{B_m}{\mu_m}, 0,0\right)$.

Teorema D.1.6

Diberikan $R_0 = \frac{\beta_m B_m}{(\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) \mu_m}$.

1. Titik ekuilibrium $E_0 = (0,0,0)$ merupakan titik ekuilibrium yang stabil asimtotik lokal.
2. Jika $R_0 < 1$ maka titik ekuilibrium bebas infeksi virus H5N1 yaitu $E_1 = \left(\frac{B_m}{\mu_m}, 0,0\right)$ stabil asimtotik lokal.

3. Jika $R_0 > 1$ maka titik ekuilibrium bebas infeksi virus H5N1 yaitu $E_1 = \left(\frac{B_m}{\mu_m}, 0, 0\right)$ tidak stabil.

Berikut ini akan dibahas kestabilan titik ekuilibrium endemik untuk $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*)$.

Teorema D.1.7

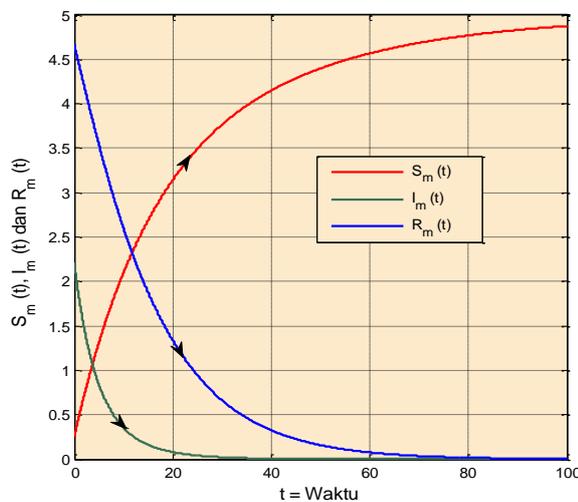
Jika $R_0 > 1$ maka titik ekuilibrium endemik $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*)$ adalah stabil.

D.1.3 Simulasi Numerik

Berikut ini diberikan ilustrasi perilaku dari populasi manusia yang masuk dalam kelas rentan dan populasi manusia yang masuk ke dalam kelas terinfeksi oleh virus H5N1 dalam ukuran proporsi.

D.1.3.1 Perilaku populasi manusia dengan $R_0 < 1$.

Berikut ini akan dikaji simulasi penyebaran virus H5N1 pada populasi manusia untuk kasus bebas dari virus H5N1. Teorema 4.1.6 telah mengkaji secara analitis bahwa titik ekuilibrium $E_1 = \left(\frac{B_m}{\mu_m}, 0, 0\right)$ stabil asimtotik lokal jika $R_0 < 1$. Jika diberikan syarat awal $(S_{m_0}, I_{m_0}, R_{m_0}) = (0.25; 2.21; 4.67)$ dan diambil nilai-nilai parameter (Smith, J.O., 2003) yang memenuhi kondisi $R_0 < 1$ yaitu $B_m = 0,15$; $\beta_m = 0,025$; $\mu_m = 0,03$; dan $\alpha_m = 0,1$ maka diperoleh $R_0 = \frac{B_m}{\mu_m} = 0,833 < 1$ dan titik ekuilibrium untuk bebas dari virus H5N1 yaitu $E_1 = (5,0)$. Berikut ini diberikan grafik penyelesaian $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ terhadap waktu yang menyatakan kepadatan populasi dari populasi manusia yang rentan, kepadatan populasi manusia yang terinfeksi dari virus H5N1 serta kepadatan populasi manusia yang dinyatakan sembuh atau bebas dari virus H5N1.

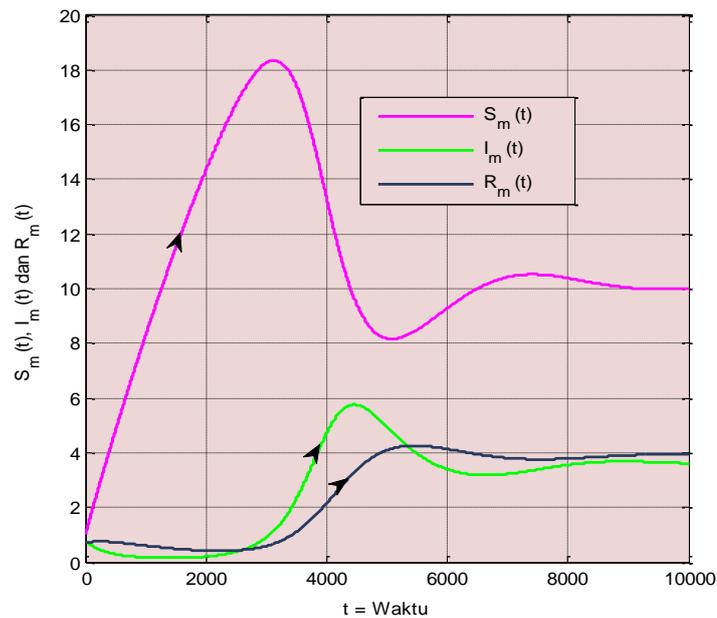


Berdasarkan gambar di atas terlihat bahwa untuk syarat awal $(S_u(0), I_u(0)) = (0.38 ; 3.21)$, maka grafik penyelesaian $S_u(t)$ dan $I_u(t)$ menuju titik ekuilibrium bebas penyakit $E_1 = (5, 0)$.

D.1.3.2 Perilaku Populasi Manusia dengan $R_0 > 1$.

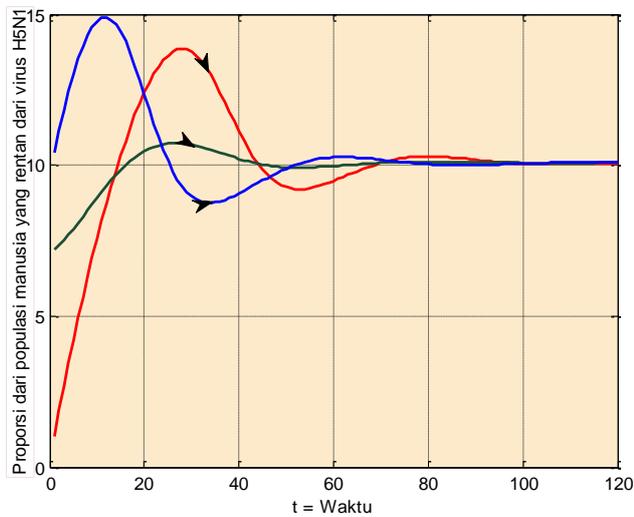
Berdasarkan Teorema 4.1.7 jika $R_0 > 1$ maka titik ekuilibrium endemik $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*)$ adalah stabil. Untuk itu diambil parameter-parameter (Smith, J.O., 2003) yang memenuhi kondisi $R_0 > 1$ yaitu $B_m = 0,75 ; \beta_m = 0,025 ; \mu_m = 0,012 ; \delta_m = 0,07 ; \alpha_m = 0,15 ; \gamma_m = 0,09$. Berdasarkan nilai parameter tersebut diperoleh $R_0 = \frac{\beta_m B_m}{(\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) \mu_m} = 6,20 > 1$ dan titik ekuilibrium endemik yaitu $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*) = (9.97 ; 3.945 ; 3.62)$.

Berikut ini diberikan grafik penyelesaian $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ terhadap waktu yang menyatakan proporsi dari populasi manusia yang rentan , populasi manusia yang terinfeksi dari virus H5N1 dan populasi dari manusia yang sembuh atau bebas dari virus H5N1.

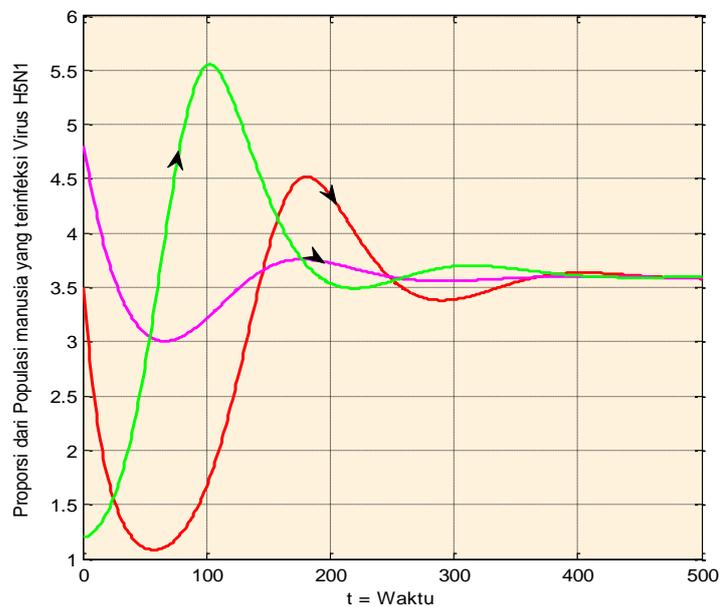


Gambar di atas adalah grafik penyelesaian $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ terhadap waktu pada nilai awal $(S_m(0), I_m(0), R_m(0)) = (1.00 , 0.20 , 0.40)$ dan terlihat bahwa penyelesaian menuju titik ekuilibrium endemik yaitu $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*) = (9.97 ; 3.945 ; 3.62)$. Hal ini berarti populasi manusia yang rentan tidak akan bebas dari virus H5N1 untuk selamanya, dan populasi manusia yang terinfeksi dan sembuh atau kebal dari virus H5N1 akan selalu ada. Untuk lebih jelasnya berikut ini

diberikan masing-masing grafik penyelesaian $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ terhadap waktu dengan beberapa nilai awal.

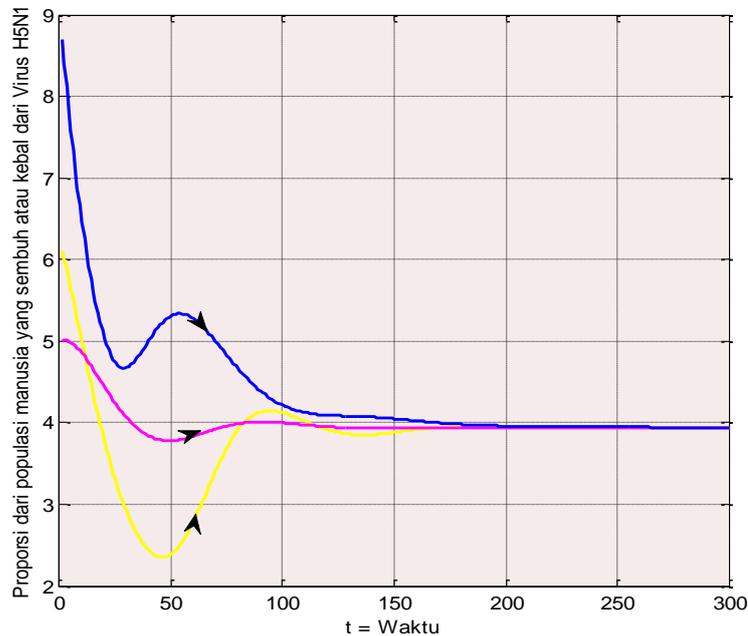


Dari gambar di atas terlihat bahwa dari pengambilan tiga nilai awal yang berbeda maka semua grafik penyelesaian menuju titik ekuilibrium $S_M^* = 9.97$. Dalam hal ini menunjukkan bahwa populasi manusia yang rentan menuju kapasitas batasnya atau dengan kata lain walaupun manusia yang rentan selalu ada di dalam populasi, namun ternyata ada beberapa manusia yang terinfeksi virus H5N1.



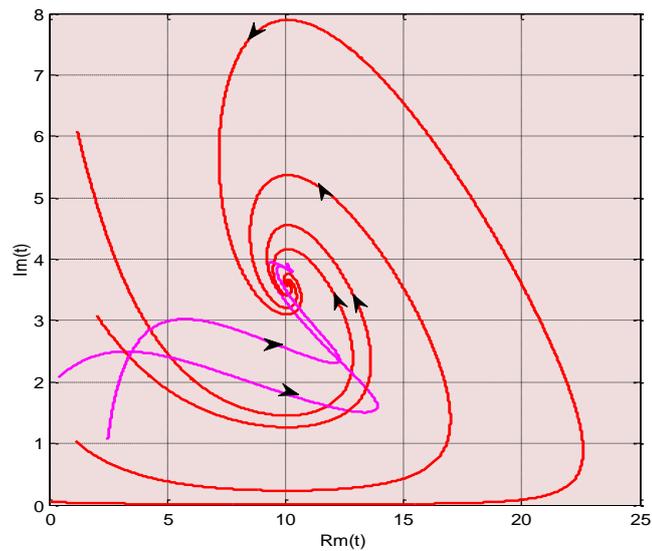
Dari gambar di atas terlihat bahwa dari pengambilan tiga nilai awal yang berbeda maka semua grafik penyelesaian menuju titik ekuilibrium $I_m^* = 3.139$. Dalam hal ini menunjukkan bahwa populasi manusia yang terinfeksi menuju kapasitas batasnya

atau dengan kata lain manusia yang terinfeksi virus H5N1 akan selalu ada di dalam populasi.

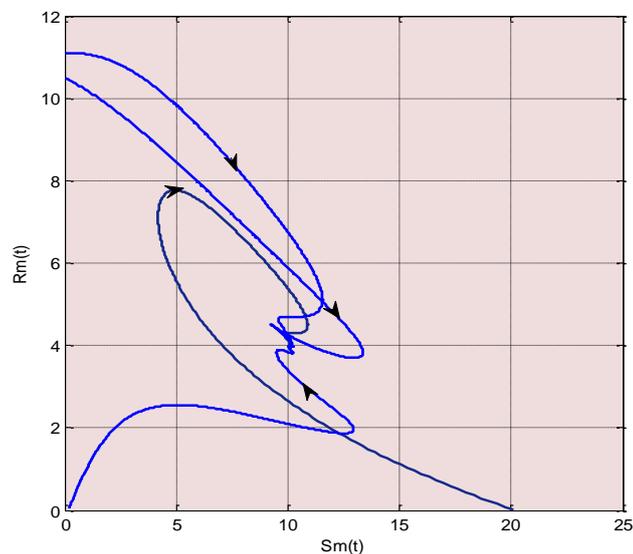


Dari gambar di atas terlihat bahwa dari pengambilan tiga nilai awal yang berbeda maka semua grafik penyelesaian menuju titik ekuilibrium $R_m^* = 3.945$. Dalam hal ini menunjukkan bahwa populasi manusia yang sembuh atau kebal dari virus H5N1 menuju kapasitas batasnya atau dengan kata lain manusia yang sembuh virus H5N1 akan selalu ada di dalam populasi.

Berikut ini diberikan potret fase penyelesaian $S_m(t)$, $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ yang menyatakan proporsi dari populasi manusia yang rentan, proporsi dari populasi manusia yang terinfeksi Virus H5N1 dan proporsi dari populasi manusia yang sembuh atau bebas dari Virus H5N1.

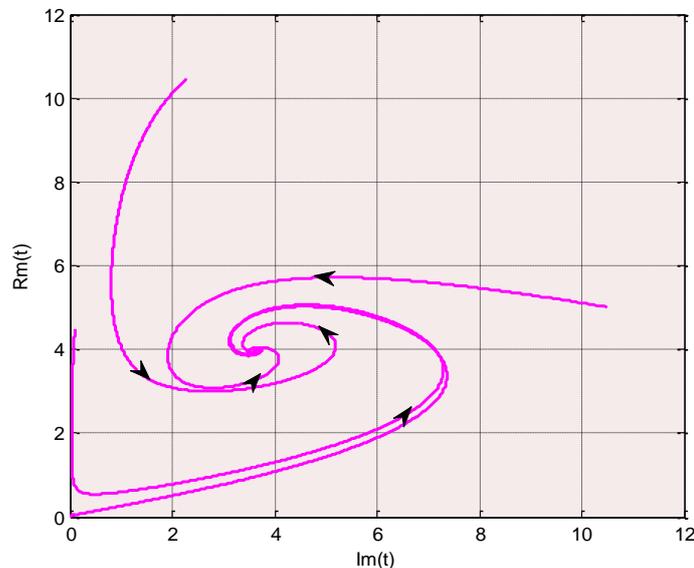


Dari gambar di atas terlihat bahwa untuk setiap potret fase (trayektori) dalam penyelesaian $S_m(t)$ dan $I_m(t)$ dalam beberapa pengambilan nilai awal yaitu $(S_m^*, I_m^*) = (1.10, 1.05), (1.20, 6.08), (0.40, 5.02), (0.01, 0.05), (2.02, 3.08), (2.49, 9.12)$ menuju ke titik ekuilibrium $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*) = (9.97; 3.945)$. Hal ini menunjukkan bahwa individu manusia yang rentan dan individu manusia yang terinfeksi dari Virus H5N1 akan tetap ada dan hidup berdampingan di dalam suatu populasi dengan waktu yang cukup lama.



Dari gambar di atas terlihat bahwa untuk setiap potret fase (trayektori) dalam penyelesaian $S_m(t)$ dan $R_m(t)$ dalam beberapa pengambilan nilai awal yaitu $(S_m^*, R_m^*) = (20.10, 0.01), (0.20, 0.05), (0.01, 11.10), (0.02, 10.5)$ menuju ke titik ekuilibrium $E_2^+ = (S_m^*, R_m^*) = (9.97; 3.62)$. Hal ini menunjukkan bahwa individu manusia yang rentan dan individu manusia yang sembuh atau bebas dari Virus

H5N1 akan tetap ada dan hidup berdampingan di dalam suatu populasi dengan waktu yang cukup lama.



Dari gambar di atas terlihat bahwa untuk setiap potret fase (trayektori) dalam penyelesaian $I_m(t)$ dan $R_m(t)$ dalam beberapa pengambilan nilai awal yaitu $(I_m^*, R_m^*) = (10.05, 5.01), (0.10, 0.05), (0.10, 4.50), (2.30, 10.5)$ menuju ke titik ekuilibrium $E_2^+ = (I_m^*, R_m^*) = (3.945; 3.62)$. Hal ini menunjukkan bahwa individu manusia yang terinfeksi dan individu manusia yang sembuh atau bebas dari Virus H5N1 akan tetap ada dan hidup berdampingan di dalam suatu populasi dengan waktu yang cukup lama.

E. PENUTUP

E.1. Kesimpulan

Dari analisis yang dilakukan pada bab sebelumnya, diperoleh kesimpulan bahwa model SIR adalah model yang mendekati atau memenuhi fakta-fakta dan asumsi-asumsi dalam kasus epidemi penularan virus H5N1 pada populasi manusia. Bentuk Persamaan model matematika dari penyebaran virus H5N1 pada populasi manusia adalah sebagai berikut :

$$\begin{aligned} \frac{dS_m}{dt} &= B_m - \beta_m I_m S_m - \mu_m S_m + \delta_m R_m, \\ \frac{dI_m}{dt} &= \beta_m I_m S_m - (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) I_m, \\ \frac{dR_m}{dt} &= \gamma_m I_m - (\mu_m + \delta_m) R_m, \end{aligned}$$

dengan S_m menyatakan proporsi dari populasi manusia yang rentan, I_m menyatakan proporsi dari populasi manusia yang terinfeksi virus H5N1 dan R_m menyatakan proporsi dari populasi manusia yang sembuh atau bebas dari virus H5N1. Setelah

dilakukan analisis terhadap sistem penyebaran virus H5N1 maka diperoleh domain Sistem dapat dibatasi pada daerah :

$$\varphi = \{(S_m, I_m, R_m) \in R_{+0}^3 | 0 \leq S_m; 0 \leq I_m; 0 \leq R_m; S_m + I_m + R_m \leq N_m \leq 1\},$$

$$\forall S_m, I_m, R_m \geq 0.$$

Selanjutnya dari analisis eksistensi dan kestabilan titik ekuilibrium diperoleh bahwa :

Diberikan $R_0 = \frac{\beta_m B_m}{(\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) \mu_m}$,

- a) Jika $R_0 < 1$, maka Sistem (4.10) mempunyai dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas infeksi dari virus H5N1 dengan $E_0 = (0,0,0)$ dan $E_1 = (\frac{B_m}{\mu_m}, 0,0)$.
- b) Jika $R_0 > 1$, maka Sistem (4.10) mempunyai dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas infeksi dari virus H5N1 dengan $E_1 = (\frac{B_m}{\mu_m}, 0,0)$ dan titik ekuilibrium endemik yang berarti virus H5N1 masih terus ada dimana $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*)$ dengan

$$S_m^* = \frac{\mu_m + \alpha_m + \gamma_m}{\beta_m}, I_m^* = \frac{B_m \beta_m - \mu_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)}{\beta_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)}, R_m^* = \frac{\gamma_m}{(\mu_m + \delta_m)} \left(\frac{B_m \beta_m - \mu_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m)}{\beta_m (\mu_m + \alpha_m + \gamma_m) (\mu_m + \delta_m)} \right).$$

Titik $E_2^+ = (S_m^*, I_m^*, R_m^*)$ menyatakan bahwa jika hasil kali laju kelahiran dengan laju kontak manusia yang rentan dengan yang terinfeksi virus H5N1 lebih besar dari hasil kali laju efek naiknya angka kepadatan populasi manusia yang rentan dengan jumlah laju kematian karena manusia terinfeksi virus H5N1 maka akan terjadi endemik atau dengan kata lain terjadi penyebaran virus H5N1.

E.2. Saran

Karena berbagai keterbatasan, penulis menyadari bahwa penelitian ini masih banyak kekurangan, diantaranya adalah penulis hanya menganalisis kestabilan titik ekuilibrium endemik sebatas stabil asimtotik lokal saja. Penelitian ini dapat dilanjutkan dengan menyelidiki kestabilan global dari titik ekuilibrium endemik tersebut.

DAFTAR PUSTAKA

Aditama, 2004. *Flu Burung di Manusia*. Perhimpunan Dokter Paru Indonesia. Jakarta : Penerbit Universitas Indonesia.

Anton, H., 2004, *Aljabar Linear Elementer* edisi kedelapan. Jakarta : Erlangga.

Asmara, W. 2008. *Peran Biologi Molekuler Dalam Pengendalian Avian Influenza dan Flu Burung*. Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Gadjah Mada.

- Derouich, M. & Boutayeb. 2008. An Avian Influenza Mathematical Model. Applied Mathematical Sciences. Vol II (36). Oudja : Faculte des Sciences.
- Gantmacher, F.R., 1959, The Theory of Matrices, Chelsea Publishing Company, New York, N.Y.
- Hanh, W., 1967, Stability of Motion, Springer-Verlag, Inc., New York.
- Khalil, H.K., 2002, Nonlinear System (Third Edition), Prentice-Hall, Inc, New Jersey.
- Luenberger, D.C., 1979, Introduction to Dynamic Systems, John Willey and Sons, Inc, United States.
- Noviana P & Kartono. 2008. Strategi Model Pengendalian Penyebaran Virus Influenza. Jurnal matematika FMIPA Universitas Diponegoro, Vol II ; 141-145.
- Olsder, G.J., 1994, Mathematical Systems Theory, Delftse Uitgevers Matschappij b.v., Netherlands.
- Perko, L., 1993, Differential Equations and Dynamical System, Springer- Verlag, Inc., New York.
- Radji, M. 2006. Avian Influenza A (H5N1) : Patogenesis, Pencegahan, dan penyebaran pada manusia. Majalah Ilmu Kefarmasian Vol III : 55-65.
- Rahardjo, Y. 2004. Avian Influenza, Pencegahan, Pengendalian, dan Pemberantasannya. Jakarta : PT Gita Gallus Utama.
- Siswanto, Supriyono, Wuryanto. 2013. Model Matematika penyebaran Flu Burung dari Unggas ke Manusia. Jurnal Matematika FMIPA UNNES Vol II.
- Smith, James O. Lioyd, 2003, Curtailing transmission of severe acute respiratori syndrome within a community and its hospital, the royal society , diakses 25 September 2015.
- Susanta, B., 1989, Pemodelan Matematis. Jakarta : Modul UT.
- Tarumingkeng, R.C., 1994, Dinamika Populasi Kajian Ekologi Kuantitatif. Jakarta : Pustaka Sinar Harapan.
- Wiggins, S., 1996, Introduction to Applied Nonlinear Dynamical System and Chaos, Springer-Verlag, Inc., New York.