

PENYEBARAN PENYAKIT INFLUENZA TIPE A (H1N1) MODEL $SEI_S I_N R$

Awal Launy Putri Sinula

Jurusan Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : awalsinula@mhs.unesa.ac.id

Abadi

Jurusan Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : abadi@uneas.ac.id

Abstrak

Salah satu penyakit menular yang berkembang di dunia adalah penyakit influenza. Penyakit influenza terdiri dari 3 tipe yaitu influenza tipe A (H1N1), tipe B (Flu Perut) dan tipe C (Flu Ringan). Diantara ketiga tipe tersebut influenza tipe A (H1N1) merupakan influenza yang paling berbahaya dan dapat menyerang semua kelompok umur manusia juga hewan. Influenza tipe A (H1N1) merupakan penyakit yang dapat menyebabkan epidemik. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui perilaku sistem dari penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1) dengan analisis kestabilan model dari sistem dan menentukan R_0 (bilangan reproduksi dasar) dari model $SEI_S I_N R$. R_0 diperlukan agar dapat menentukan penyebaran yang terjadi, apabila bilangan reproduksi dasar ($R_0 > 0$) maka penyakit akan menyebar dan menyebabkan epidemik dan apabila bilangan reproduksi dasar ($R_0 < 0$) maka penyakit tidak akan menyebar.

Kata kunci: Influenza tipe A (H1N1), bilangan reproduksi dasar, epidemik, analisis kestabilan

Abstract

One of the developing infectious diseases in the world is influenza. Influenza disease consist of 3 types, namely influenza type A (H1N1), influenza type B (Stomach Flu) and type C (Mild Flu). Among the three types of influenza type A (H1N1) is the most dangerous influenza and can affect all age groups humans are also animals. Influenza tipe A (H1N1) is a disease that can cause epidemics. This research was conducted to determine the system behavior of the spread of influenza type A (H1N1) by analyzing the stability of the model of the system and determining R_0 of $SEI_S I_N R$ model. R_0 is needed in order to determine the spread, if the basic reproduction number ($R_0 > 0$) the disease will spread and cause epidemics and if the basic reproduction number ($R_0 < 0$) the disease will not spread.

Keywords : Influenza type A (H1N1), basic reproduction number, epidemic, stability analysis

PENDAHULUAN

Penyakit pernapasan menular disebabkan oleh virus influenza yang dapat menyebabkan penyakit ringan hingga kematian. Penyakit tersebut biasanya disebut dengan “influenza” (Abelson, 2009). Influenza terdiri atas 3 tipe yaitu influenza tipe A (H1N1), tipe B (Flu Perut) dan tipe C (Flu Ringan). Diantara ketiga tipe penyakit tersebut influenza tipe A merupakan penyakit influenza yang paling berbahaya sehingga menyebabkan epidemik dan menyerang semua kelompok umur manusia juga hewan.

Menyebarnya virus dari penyakit influenza tipe A (H1N1) ini telah menjadi wabah internasional yang meresahkan warga di berbagai negara. Bahkan Organisasi Kesehatan Dunia (WHO) menaruh perhatian yang serius terhadap ancaman penyakit influenza tipe A (H1N1) tersebut. Di negara Iran, pada Desember 2015, tercatat sebanyak 600 kasus yang terinfeksi penyakit influenza tipe A (H1N1) dan pada tahun 2016 di Meksiko ada sebanyak 945 kasus influenza tipe A (H1N1) yang terjadi hingga

pertengahan agustus 2017 tercatat sebanyak 22.186 kasus penyakit influenza tipe A (H1N1) dengan 1.904 kematian (WHO, 2017).

Mudahnya penyebaran infeksi penyakit influenza tipe A (H1N1) disebabkan oleh kurangnya informasi mengenai penyakit ini (Aditama, 2015). Karena penyakit ini dapat mematikan maka diperlukan penanganan paling efektif salah satunya dengan melakukan tindakan pencegahan (*preventif*). Ada 2 langkah pencegahan yang pertama yaitu pencegahan jangka pendek yang telah dilakukan pemerintah dunia guna menekan angka kematian yang terjadi seperti vaksinasi. Sedangkan untuk langkah pencegahan jangka panjang masih jarang dilakukan seperti menerapkan ilmu matematika.

Berdasarkan hal tersebut, penulis bertujuan untuk menerapkan ilmu matematika khususnya dalam bidang kedokteran agar dapat digunakan sebagai acuan dan informasi dalam menanggulangi infeksi yang terjadi.

KAJIAN TEORI

Sistem Persamaan Diferensial

Persamaan yang mengandung satu atau beberapa turunan fungsi yang tidak diketahui, yang bergantung pada satu variabel bebas disebut persamaan diferensial biasa. Sedangkan persamaan yang melibatkan turunan parsial suatu fungsi yang tidak diketahui dari dua variabel atau lebih disebut persamaan diferensial parsial (Kreyszig, 2006).

Suatu n persamaan diferensial yang termuat di dalam sebuah sistem dengan n fungsi yang tidak diketahui (n merupakan bilangan positif yang lebih besar atau sama dengan dua) disebut sistem persamaan diferensial. Sistem persamaan diferensial secara umum berbentuk:

$$\frac{dx_1}{dt} = f_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n)$$

$$\frac{dx_2}{dt} = f_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n)$$

$$\vdots$$

$$\frac{dx_n}{dt} = f_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n)$$

dengan $\mathbf{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^n$, $\mathbf{f} = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^n$ merupakan fungsi t

dan x pada suatu selang waktu t .

Bilangan Reproduksi Dasar

Menyebarnya suatu infeksi penyakit bisa diketahui dengan parameter tertentu untuk dapat melihat seberapa besar penyakit berpotensi menyebar di suatu populasi. Parameter itu adalah R_0 (bilangan reproduksi dasar). Bilangan reproduksi dasar (R_0) didefinisikan sebagai jumlah rata-rata individu *susceptible* (rentan) yang secara langsung terkena infeksi oleh populasi yang telah terinfeksi, dan masuk ke dalam populasi yang seluruhnya masih rentan (Giesecke, 2002).

Bilangan reproduksi dasar mempunyai nilai batas 1 sehingga jika nilai R_0 kurang dari satu ($R_0 < 1$), sehingga satu individu yang terkena infeksi penyakit akan menularkan penyakit kurang dari satu individu yang rentan sehingga penyakit kemungkinan akan hilang dari populasi. Sebaliknya jika R_0 lebih dari satu ($R_0 > 1$), maka individu yang terkena infeksi penyakit akan menularkan infeksi penyakit ke lebih dari satu individu yang rentan sehingga individu yang terkena infeksi penyakit akan menyebar ke seluruh populasi.

Model Epidemik SEIR

Ilmu yang membahas mengenai penyebaran suatu penyakit disebut epidemiologi. Epidemiologi merupakan cabang ilmu yang membahas serta mempelajari penyebaran penyakit kemudian mengetahui faktor penyebab terjadinya penyebaran penyakit terhadap manusia.

Terdapat beberapa model epidemik yang dibentuk dari penyebaran suatu penyakit salah satunya yaitu model epidemik *SIR*. Model epidemik *SIR* ini pertama kali diperkenalkan oleh W. O Kermack dan A. G. McKendrick pada tahun 1927. Dalam perkembangannya, guna mengetahui tingkat penyebaran penyakit serta kepunahan penyakit dalam populasi dan bersifat epidemik, model *SIR* sebagai model dasar dikembangkan lagi menjadi beberapa konstruksi model lain misalnya model *SEIR*. Model *SEIR* ini kemudian dikembangkan lagi menjadi model *SEI_SI_NR* untuk mengetahui penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Rekonstruksi Model Matematika dari Penyebaran Penyakit Influenza Tipe A (H1N1)

Berdasarkan rekonstruksi model diperoleh sistem persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta S(I_S + \delta I_N) \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S(I_S + \delta I_N) - kE \\ \frac{dI_S}{dt} &= p k E - \gamma I_S - \mu I_S \\ \frac{dI_N}{dt} &= (1-p) k E - \eta I_N \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I_S + \eta I_N \end{aligned} \quad (4.6)$$

dengan

S = jumlah individu yang rentan terinfeksi penyakit.

E = jumlah individu terpapar akan terkena virus atau terpapar akan terinfeksi.

I_S = jumlah individu yang terinfeksi dengan menunjukkan gejala dan dapat menyebarkan penyakit tersebut kepada individu yang rentan.

I_N = jumlah individu yang terkena infeksi tetapi tidak menunjukkan gejala dan dapat menyebarkan penyakit tersebut kepada individu yang rentan.

R = jumlah individu yang telah sembuh atau kebal terhadap penyakit sehingga terhindar dari kematian.

β = tingkat penularan penyakit oleh *Susceptible* (rentan) ke kondisi terinfeksi (*Infected*).

k = periode laten pada individu *Exposed* (terpapar).

p = bagian dari individu I_S yang membawa gejala penyakit.

γ = tingkat penyembuhan dari penyakit dengan kompartemen I_S .

μ = tingkat kematian dari penyakit influenza pada kompartemen I_S .

η = tingkat penyembuhan dari penyakit dengan kompartemen I_N .

δ = bagian dari I_N yang telah mengurangi infektivitas penyakit.

Model tersebut kemudian dianalisis dengan menentukan titik kesetimbangan, melakukan linearisasi sistem, menentukan bilangan reproduksi dasar, kemudian menganalisis titik kesetimbangan menggunakan nilai eigen sehingga didapatkan dua titik kesetimbangan yaitu: titik setimbang bebas penyakit dan epidemik. Dimana penyakit tersebut dikatakan epidemik apabila $R_0 > 1$ dan tidak akan menyebar apabila $R_0 < 1$. Setelah itu mempelajari perilaku dari penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1) dengan model $SEI_S I_N R$ dengan simulasi numerik menggunakan MATLAB R2017a.

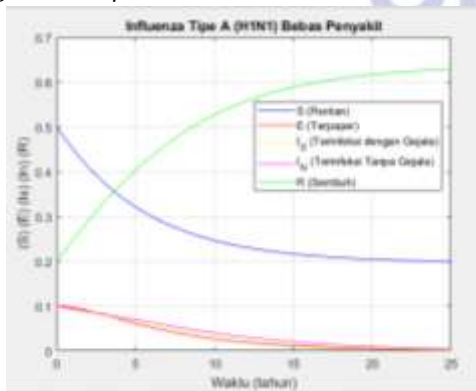
Simulasi Model

Simulasi ini bertujuan untuk mengetahui perilaku dari setiap populasi pada model ketika terjadi penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1). Simulasi model penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1) menggunakan persamaan yang sudah di *scalling* adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{du}{d\tau} &= -R_1 u(v_S + \delta v_N) \\ \frac{dz}{dt} &= R_1 u(v_S + \delta v_N) - R_2 z \\ \frac{dv_S}{dt} &= p R_2 z - (1 + R_3) v_S \\ \frac{dv_N}{dt} &= (1 - p) R_2 z - R_4 v_N \\ \frac{dw}{d\tau} &= v_S + R_4 v_N \end{aligned} \quad (4.64)$$

Perhitungan simulasi menggunakan parameter pada artikel (Bedada, dkk., 2015) dan (atkins, 2010) dengan 2 nilai berbeda untuk bilangan reproduksi dasar yaitu $R_0 = 0.714$ dan $R_0 = 9.603$.

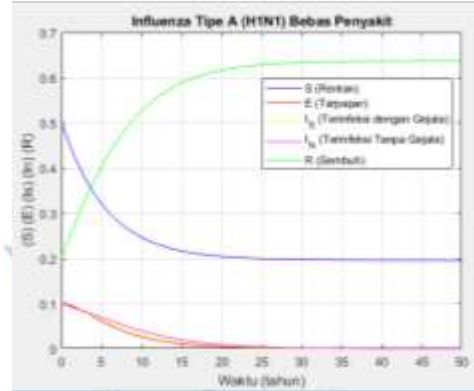
Berikut merupakan simulasi dilakukan dengan menggunakan software MATLAB R2017a:



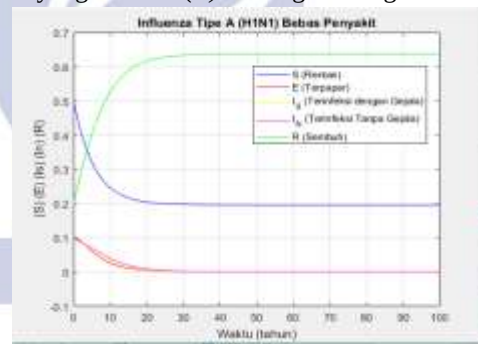
Gambar 1. Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ Bebas Penyakit $R_0 = 0.714$ pada saat $0 \leq t \leq 25$ menunjukkan populasi individu rentan (S) menurun dengan lancar hingga konstan pada $t=20$, populasi individu terpapar (E), populasi individu terinfeksi dengan gejala

(I_S) dan populasi individu terinfeksi tanpa gejala (I_N) menurun dengan lancar hingga mendekati keadaan minimum. Sedangkan populasi individu yang sembuh (R) meningkat dengan lancar.

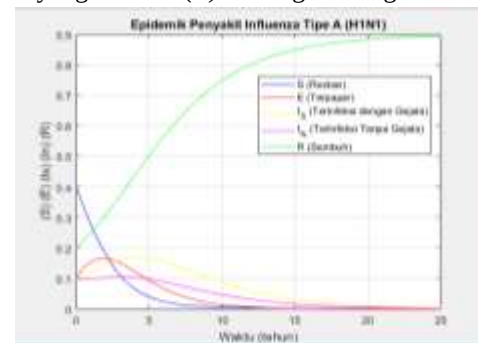
Gambar 2. Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ Bebas Penyakit $R_0 = 0.714$ pada saat $0 \leq t \leq 50$ menunjukkan populasi individu rentan (S) menurun



dengan lancar, populasi individu terpapar (E), populasi individu terinfeksi dengan gejala (I_S) dan populasi individu terinfeksi tanpa gejala (I_N) menurun dengan lancar hingga keadaan minimum. Sedangkan populasi individu yang sembuh (R) meningkat dengan lancar.

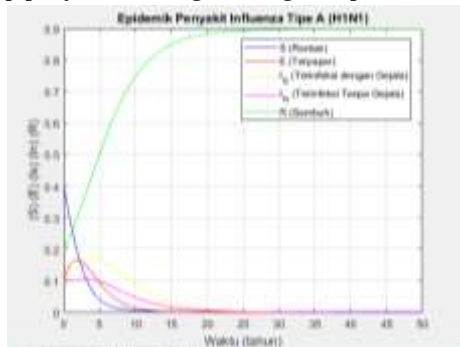


Gambar 3. Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ Bebas Penyakit $R_0 = 0.714$ pada saat $0 \leq t \leq 100$ menunjukkan populasi individu rentan (S) menurun dengan lancar, sedangkan populasi individu terpapar (E), populasi individu terinfeksi dengan gejala (I_S) dan populasi individu terinfeksi tanpa gejala (I_N) menurun dengan lancar dan konstan saat $t=30$. Sedangkan populasi individu yang sembuh (R) meningkat dengan lancar.

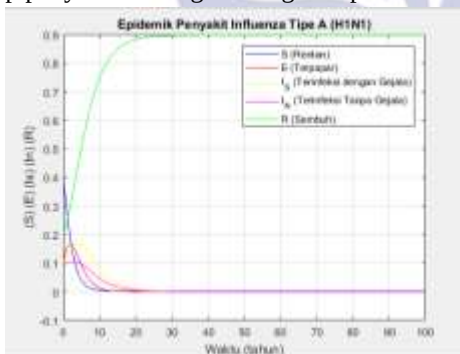


Gambar 4. Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ $R_0 = 9.603$ pada saat $0 \leq t \leq 25$ menunjukkan bahwa

terjadi epidemik dimana populasi individu rentan awalnya berada dititik 0,4 kemudian menurun dengan lancar, kemudian populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi dengan gejala dan populasi individu tanpa gejala awal mulanya meningkat tetapi kemudian menurun sehingga menyebabkan individu yang sembuh atau kebal terhadap penyakit meningkat dengan cepat.



Gambar 5. Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ $R_0 = 9.603$ pada saat $0 \leq t \leq 50$ menunjukkan bahwa terjadi epidemik dimana populasi individu rentan awalnya berada dititik 0,4 kemudian menurun dengan lancar, kemudian populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi dengan gejala dan populasi individu tanpa gejala awal mulanya meningkat tetapi kemudian menurun sehingga menyebabkan individu yang sembuh atau kebal terhadap penyakit meningkat dengan cepat.



Gambar 6. Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ $R_0 = 9.603$ pada saat $0 \leq t \leq 100$ menunjukkan bahwa terjadi epidemik dimana populasi individu rentan menurun dengan lancar, kemudian populasi individu terpapar, populasi individu terinfeksi dengan gejala dan populasi individu tanpa gejala awal mulanya meningkat tetapi kemudian menurun sehingga menyebabkan individu yang sembuh atau kebal terhadap penyakit meningkat dengan cepat.

PENUTUP

Simpulan

Penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1) Model $SEI_S I_N R$ memiliki dua titik kesetimbangan yaitu: bebas penyakit yang merupakan keadaan tidak terjadinya suatu penyebaran penyakit sehingga individu terpapar (E), individu terinfeksi dengan penyakit (I_S) dan individu

terinfeksi tanpa gejala (I_N) tidak ada atau populasinya bernilai nol maka $T^0 = (S^0, E^0, I_S^0, I_N^0) = (N, 0, 0, 0)$ dengan $R_0 = 0.714$ kemudian mensubstitusikan nilai parameter sehingga didapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit $T^0 = (S^0, E^0, I_S^0, I_N^0) = (1, 0, 0, 0)$. Kemudian, titik kesetimbangan epidemik yang merupakan keadaan dimana penyakit akan menyebar. maka $T^* = (S^*, E^*, I_S^*, I_N^*)$ dengan $S^* = \frac{1}{\left(\frac{\beta(-1+p)}{\gamma} + \left(\frac{\beta\delta(1-p)}{\eta}\right)\right)}$, $E^* = \frac{I_S(\gamma+\mu)}{pk}$, $I_S^* = \frac{kE(-1+p)}{\gamma}$, dan $I_N^* = \frac{kE^*(1-p)}{\eta}$ dengan $R_0 = 9.603$ setelah itu dengan mensubstitusikan nilai parameter diperoleh penyakit $T^* = (0,59; 0,1; 0,1; 0,1; 0,2)$. Berdasarkan analisis kestabilan diperoleh jenis ketimbangan berbentuk *saddle* tidak stabil.

Saran

Apabila penelitian ini ingin dilanjutkan dengan membahas model matematika penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1) dapat ditambahkan variabel kontrol berupa vaksinasi. Hal ini bertujuan agar nantinya dapat diketahui seberapa efektif pengaruh vaksinasi dalam mengurangi penyebaran penyakit influenza tipe A (H1N1).

DAFTAR PUSTAKA

- Abelson, B..2009. Antibiotic, & Your Immune System. *Flu Shots*.
- Abramson, G.. 2001. "Mathematical Modeling of the Spread of Infectious Diseases." *A Series given at Panda, UNM*.
- Aditama, T. Y.. 2015. "Situasi Terkini Influenza Baru A H1N1 di Indonesia." <http://www.penyakitmenular.info/situasi-terkini-influenza-baru-a-h1n1>. (diakses pada 29 desember 2017)
- Anton, H. and Rorres C. 2010. *10th "Elementary Linear Algebra with Applications Aljabar."* New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Bedada, T., Lemma, M. & Koya, P. 2015. Mathematical Modeling And Simulation Study of Influenza Disease. *JMEST*, 3263-3269.
- Boujakjian, H.. 2016. Modeling the Spread of Ebola with SEIR and Optimal Control.
- Boyce, W. & DiPrima, R. 2012. *"10th Edition Elementary Differential Equations and Boundary Values Problems."* USA: John Wiley & Sons, Inc.
- British Broadcasting Corporation. 2017. *Data of H1N1 Infectious*. (Diakses pada 06 Maret 2018)

- Giesecke, J. 2002. "Modern Infectious Disease Epidemiology, Second Edition." Florida: CRC Press.
- Iannelli, Mommi. (2005). The Mathematical Modeling of Epidemics. Bolzano-Italy: Mathematics Department University of Trento.
- Kementerian Kesehatan Iran.. 2015. *Flu Babi Di Iran Tewaskan Banyak Jiwa*. (Online), (http://www.Flu%20Babi%20di%20Iran%20Tewaskan%20banyak%20Jiwa%20_%20Kemenkes%20Iran%20Republika%.html, diakses pada 11 Maret 2018)
- Kreyszig, E.. 2006. *Advanced Engineering Mathematics*. Columbus: John Wiley & Sons, Inc.
- Murray, J. D.. 2002. *Mathematical Biology*. Washington: Springer.
- Racaniello, V.. 2009. "About viruses and viral disease." (<http://www.virology.ws/2009/09/22/the-a-b-and-c-of-influenza-virus/>) diakses pada 02 Maret 2018
- Rendell, E.G.. 2006. *Influenza Virus Type, Subtypes and Strains*. USA: PA Pandemic Influenza Preparedness
- Schrauwen, R. & Fouchier, S.. 2014. *Host Adaptation and Transmission of Influenza A Viruses in Mammals*. USA: PubMed Labs.
- Wiggins, S. 1990. "Introduction to Applied Nonlinear Dynamical System and Chaos." New York: Springer.
- Wikipedia. 2018. *Influenza*, (Online) (<http://www.Influenza%20-%20Wikipedia%20bahasa%20Indonesia,%20ensiklopedia%20bebas.html>, diakses pada 09 Maret 2018)
- World Health Organization. 2017. *H1N1 Could Spread Globally in World*. (Online), (<http://www.who.int/influenza/H1N1/could/Spread/Globally/inWorld/>, diakses pada 09 Maret 2018)