

ANALISIS MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN VIRUS HANTA PADA POPULASI TIKUS DAN MANUSIA

Intrada Reviladi¹, Billy Arifa Tengger²

Program Studi Teknik Sipil, Jurusan Teknik Sipil, Fakultas Teknik, Universitas Jenderal Soedirman ^{1,2}

Email: intrada.reviladi@unsoed.ac.id¹, billy.arifa@unsoed.ac.id²

Coressponding Author: Intrada Reviladi, Email: intrada.reviladi@unsoed.ac.id

Abstrak. Virus Hanta merupakan penyakit zoonosis yang ditularkan dari tikus sebagai reservoir alami kepada manusia dan berpotensi menyebabkan gangguan kesehatan serius, sehingga diperlukan pendekatan matematis untuk memahami dinamika penyebarannya serta mendukung upaya pengendalian virus. Penelitian ini bertujuan menganalisis dinamika penyebaran virus Hanta menggunakan model kompartemen SI–SIR, yang melibatkan interaksi antara populasi tikus dan populasi manusia. Model dibangun dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinier dengan mempertimbangkan proses penularan antar tikus serta penularan virus dari tikus ke manusia. Kontribusi penelitian ini adalah mengembangkan model dua populasi yang mengintegrasikan dinamika penularan pada reservoir dan manusia, serta menganalisis sifat kestabilannya menggunakan pendekatan analitik. Berdasarkan formulasi model diperoleh dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas virus dan titik ekuilibrium endemik. Bilangan reproduksi dasar (R_0) ditentukan menggunakan metode Next-Generation Matrix (NGM), sedangkan analisis kestabilan lokal titik ekuilibrium bebas virus dilakukan melalui analisis nilai eigen matriks Jacobian. Hasil analisis menunjukkan bahwa titik ekuilibrium bebas virus bersifat stabil asimtotik lokal apabila $R_0 < 1$, sedangkan titik ekuilibrium endemik eksis ketika $R_0 > 1$. Selain itu, simulasi numerik dilakukan untuk menggambarkan perilaku solusi sistem terhadap perubahan parameter penularan dan mengonfirmasi hasil analisis secara teoritis.

Kata Kunci: Virus Hanta, Model Matematika, Model SI–SIR, Kestabilan, Titik Ekuilibrium

Abstract. Hanta virus is a zoonotic disease transmitted from rodents, which serve as its natural reservoir, to humans and may cause severe health complications. Therefore, mathematical modeling is an important approach for understanding the transmission dynamics and supporting effective disease control strategies. This study aims to analyze the transmission dynamics of Hantavirus using a SI–SIR compartmental model involving interactions between rodent and human populations. The proposed model is formulated as a system of nonlinear ordinary differential equations that incorporates both rodent-to-rodent and rodent-to-human transmission. The main contribution of this study is the development of a two-population mathematical model that integrates transmission dynamics in the reservoir and human populations, followed by an analytical investigation of its dynamical behavior. The model admits two equilibrium points, namely the disease-free equilibrium and the endemic equilibrium. The basic reproduction number (R_0) is derived using the Next-Generation Matrix (NGM) method, while the local stability of the disease-free equilibrium is analyzed through the eigenvalues of the Jacobian matrix. The analytical results show that the disease-free equilibrium is locally asymptotically stable whenever $R_0 < 1$, whereas the endemic equilibrium exists when $R_0 > 1$. Furthermore, numerical simulations are performed to illustrate the effects of transmission parameters on the system dynamics and to validate the theoretical findings.

Keywords: *Hantavirus, Mathematical Model, SI–SIR Compartmental Model, Stability, Equilibrium Point*

A. Pendahuluan

Virus Hanta merupakan penyakit zoonosis yang disebabkan oleh Hantavirus dan ditularkan melalui hewan pengerat, terutama tikus yang berperan sebagai reservoir alami virus (Jonsson et al., 2010). Menurut World Health Organization (WHO), infeksi *Hantavirus* menyebabkan dua sindrom utama, yaitu *Hemorrhagic Fever with Renal Syndrome* (HFRS)



yang dilaporkan mencapai puluhan ribu kasus setiap tahun, terutama di kawasan Asia dan Eropa, serta *Hantavirus Pulmonary Syndrome* (HPS) yang meskipun lebih jarang terjadi memiliki tingkat fatalitas sekitar 30–40%. Tingginya angka kematian tersebut menunjukkan bahwa *Hantavirus* masih menjadi salah satu penyakit zoonosis yang mendapat perhatian dalam kesehatan masyarakat global. Keberadaan tikus yang terinfeksi menjadi faktor utama dalam mempertahankan penyebaran virus di suatu wilayah, di mana kondisi lingkungan, kepadatan populasi tikus, serta interaksi antara manusia dan reservoir sangat memengaruhi dinamika penularan penyakit (Kusumawardani et al., 2015).

Di Indonesia, keberadaan *Hantavirus* telah dilaporkan pada beberapa spesies tikus di berbagai wilayah, dan infeksi pada manusia juga pernah dilaporkan meskipun jumlah kasusnya relatif lebih sedikit dibandingkan negara-negara endemis di Asia Timur. Kondisi tersebut menunjukkan bahwa Indonesia memiliki potensi risiko penyebaran *Hantavirus*, terutama pada daerah dengan kepadatan populasi tikus yang tinggi dan kondisi sanitasi lingkungan yang kurang baik. Selain faktor lingkungan, fluktuasi populasi tikus liar juga berperan penting dalam mempertahankan keberadaan virus di alam sehingga meningkatkan peluang terjadinya penularan kepada manusia (Sauvage et al., 2003). Oleh karena itu, pemahaman mengenai mekanisme penyebaran virus Hanta menjadi penting sebagai dasar dalam upaya pencegahan dan pengendalian penyakit.

Berbagai penelitian telah dilakukan untuk mengkaji dinamika penyebaran *Hantavirus* menggunakan pendekatan epidemiologi maupun pemodelan matematika (Sauvage et al., 2003; Nungroho et al., 2020). Pemodelan matematika merupakan salah satu metode ilmiah yang mampu merepresentasikan proses penularan penyakit ke dalam sistem persamaan sehingga perilaku penyebaran penyakit dapat dianalisis secara kuantitatif. Selain digunakan pada penyakit menular, pendekatan pemodelan matematika juga telah banyak diterapkan pada berbagai fenomena dinamis lainnya, termasuk penyebaran informasi dan perilaku sosial (Widayati & Reviladi, 2023). Melalui pendekatan ini, faktor-faktor yang memengaruhi penyebaran penyakit dapat diidentifikasi serta efektivitas berbagai strategi pengendalian dapat dievaluasi secara sistematis (Widowati & Sutimin, 2017).

Meskipun demikian, sebagian besar penelitian mengenai penyebaran *Hantavirus* masih berfokus pada mekanisme transmisi tertentu, seperti penularan tidak langsung melalui lingkungan atau hanya memodelkan dinamika pada satu jenis populasi. Kajian yang secara eksplisit mengintegrasikan dinamika penularan pada populasi tikus sebagai reservoir alami dan populasi manusia dalam satu model matematis, serta menganalisis karakteristik titik ekuilibrium, bilangan reproduksi dasar, dan kestabilan sistem secara analitik masih relatif terbatas. Oleh karena itu, diperlukan pengembangan model matematika yang mampu menggambarkan interaksi kedua populasi tersebut sehingga mekanisme penyebaran virus Hanta dapat dipahami secara lebih komprehensif.

Dalam pemodelan epidemiologi, populasi umumnya dibagi ke dalam beberapa kompartemen berdasarkan status kesehatannya. Struktur kompartemen yang digunakan bergantung pada karakteristik penyakit dan mekanisme transmisi yang dikaji (Sauvage et al., 2003; Nungroho et al., 2020). Pada penelitian ini, populasi tikus dibagi menjadi dua kompartemen, yaitu tikus rentan (*susceptible*) dan tikus terinfeksi (*infected*). Sementara itu, populasi manusia dibagi menjadi tiga kompartemen, yaitu manusia rentan (*susceptible*), manusia terinfeksi (*infected*), dan manusia sembuh (*recovered*). Interaksi antar-kompartemen tersebut membentuk suatu sistem persamaan diferensial nonlinier yang merepresentasikan dinamika penyebaran virus Hanta antara populasi tikus dan populasi manusia.

Penelitian ini bertujuan mengembangkan model matematika penyebaran virus Hanta yang melibatkan dua populasi, yaitu populasi tikus sebagai reservoir alami dan populasi manusia. Model yang dikembangkan digunakan untuk menganalisis dinamika penyebaran virus melalui penentuan titik ekuilibrium, bilangan reproduksi dasar (R_0), dan kestabilan sistem.



Bilangan reproduksi dasar diperoleh menggunakan metode Next-Generation Matrix (NGM) (Van den Driessche & Watmough, 2002; Diekmann et al., 2010). Selanjutnya, analisis kestabilan lokal dilakukan melalui pendekatan nilai eigen dari matriks Jacobian pada titik ekuilibrium bebas virus, sedangkan simulasi numerik digunakan untuk memverifikasi hasil analisis teoritis serta menggambarkan perilaku solusi sistem terhadap perubahan parameter model. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan pemahaman yang lebih baik mengenai dinamika penyebaran virus Hanta serta menjadi dasar ilmiah dalam merumuskan strategi pengendalian penyakit yang lebih efektif.

B. Metodologi Penelitian

Langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut :

1. Studi literatur

Pada langkah ini, peneliti melakukan kajian mengenai model matematika tentang penyebaran virus Hanta. Peneliti mengamati analisis yang dilakukan model-model sebelumnya.

2. Pemodelan matematika

Dilakukan pemodelan matematika dengan mempertimbangkan asumsi-asumsi yang mempengaruhi perubahan populasi pada masalah penyebaran virus Hanta. Diperoleh persamaan diferensial nonlinier berdimensi sesuai dengan kelas populasi yang ditentukan.

3. Analisis Model

Diperoleh model matematika berbentuk persamaan diferensial nonlinier kemudian dicari titik ekuilibrium dan *basic reproduction number*. Dilakukan analisis mengenai hubungan *basic reproduction number* dengan kestabilan disekitar titik ekuilibrium secara analitik. Analisis kestabilan disekitar titik ekuilibrium digunakan untuk menganalisis perilaku solusi persamaan diferensial.

4. Simulasi Numerik

Dilakukan simulasi numerik untuk melihat perilaku solusi sistem persamaan diferensial dengan mensubstitusi nilai-nilai parameter dan nilai awal tertentu. Simulasi numerik ini menunjukkan perilaku sistem persamaan diferensial untuk *basic reproduction number* bernilai kurang dari 1 dan *basic reproduction number* bernilai lebih dari 1.

5. Kesimpulan

Hasil yang diperoleh dari analisis model dan simulasi numerik yang telah dilakukan.

C. Hasil Penelitian dan Pembahasan

1. Formulasi model

Model matematika pada penelitian ini dibentuk berdasarkan beberapa asumsi berikut.

- a. Populasi tikus dibagi menjadi tikus rentan dan tikus terinfeksi.
- b. Manusia tertular akibat kontak dengan tikus yang terinfeksi.
- c. Manusia yang sembuh tidak langsung kembali rentan.
- d. Setiap populasi memiliki laju kematian alami.
- e. Laju kelahiran sama dengan laju kematian.
- f. Virus pada lingkungan dapat berkurang akibat proses sanitasi atau peluruhan alami.

Berdasarkan asumsi-asumsi tersebut, populasi dalam model ini dibagi menjadi lima kompartemen berdasarkan jumlah populasi aktualnya. Populasi tikus total (N_r) terdiri atas jumlah tikus rentan (S_r) dan jumlah tikus terinfeksi (I_r), sehingga memenuhi $N_r = S_r + I_r$. Sementara itu, populasi manusia total (N_h) terdiri atas jumlah manusia rentan (S_h), jumlah

manusia terinfeksi (I_h), dan jumlah manusia sembuh (R_h), sehingga memenuhi $N_h = S_h + I_h + R_h$.

Untuk mempermudah proses analisis dan penyelesaian sistem persamaan diferensial, dilakukan konversi dari jumlah populasi aktual ke dalam bentuk proporsi terhadap masing-masing populasi total dengan cara :

$$s_r = \frac{S_r}{N_r}, i_r = \frac{I_r}{N_r}, s_h = \frac{S_h}{N_h}, i_h = \frac{I_h}{N_h}, r_h = \frac{R_h}{N_h}$$

Melalui konversi tersebut, diperoleh variabel-variabel proporsi populasi yang didefinisikan sebagai berikut :

s_r : proporsi populasi tikus yang rentan terinfeksi virus Hanta

i_r : proporsi populasi tikus yang sudah terinfeksi virus Hanta

s_h : proporsi populasi manusia yang rentan terinfeksi virus Hanta

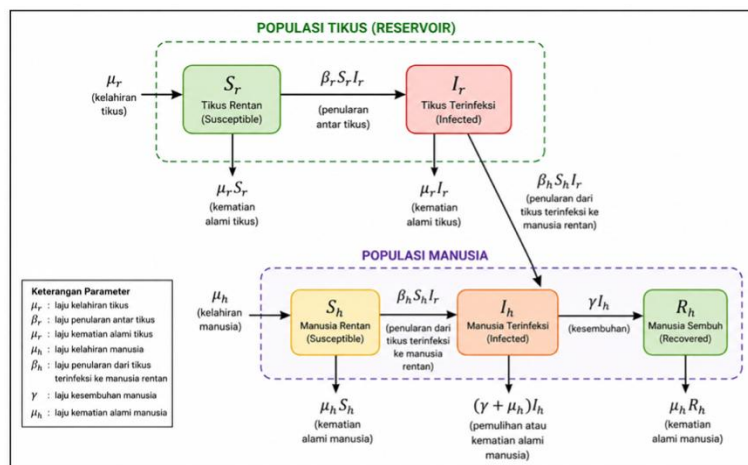
i_h : proporsi populasi manusia yang sudah terinfeksi virus Hanta

r_h : proporsi populasi manusia yang sudah sembuh dari infeksi virus Hanta

Dinamika perubahan pada setiap kompartemen ini dipengaruhi oleh interaksi antar-individu dan parameter. Pada populasi tikus, individu baru yang lahir akan masuk ke dalam kelompok tikus rentan (s_r) dengan laju kelahiran μ_r . Tikus rentan (s_r) tersebut dapat terinfeksi setelah berinteraksi dengan tikus yang sudah terinfeksi (i_r) dengan laju transmisi β_r , sehingga berpindah ke kompartemen terinfeksi (i_r). Selain itu, baik tikus rentan maupun tikus terinfeksi memiliki laju kematian alami yang sama, yaitu sebesar μ_r .

Sementara itu pada populasi manusia, individu baru yang lahir akan masuk ke dalam kompartemen manusia rentan (s_h) dengan laju kelahiran μ_h . Penularan virus pada manusia terjadi apabila manusia rentan (s_h) berinteraksi dengan tikus yang sudah terinfeksi (i_r) dengan laju transmisi β_h , yang menyebabkan manusia tersebut berpindah ke kelas terinfeksi (i_h). Manusia yang berada di kompartemen terinfeksi dapat mengalami kesembuhan dan berpindah ke kelas sembuh (r_h) dengan laju kesembuhan γ . Terakhir, populasi manusia pada setiap kompartemen mengalami kematian alami dengan laju sebesar μ_h .

Berdasarkan asumsi model tersebut dapat dibentuk diagram transfer model matematika pada penyebaran virus Hanta sebagai berikut.



Gambar 1 Diagram Transfer Model Matematika pada Penyebaran Virus Hanta

Berdasarkan diagram transfer Gambar 1 dapat dibentuk model matematika berupa Sistem Persamaan Diferensial sebagai berikut :

$$\frac{ds_r}{dt} = \mu_r - \beta_r s_r i_r - \mu_r s_r \quad (1a)$$

$$\frac{di_r}{dt} = \beta_r s_r i_r - \mu_r i_r \quad (1b)$$

$$\frac{ds_h}{dt} = \mu_h - \beta_h s_h i_r - \mu_h s_h \quad (1c)$$

$$\frac{di_h}{dt} = \beta_h s_h i_r - (\gamma + \mu_h) i_h \quad (1d)$$

$$\frac{dr_h}{dt} = \gamma i_h - \mu_h r_h \quad (1e)$$

dengan $0 \leq \beta_r, \beta_h, \mu_r, \mu_h, \gamma < 1$.

Tabel 1. Deskripsi Parameter yang digunakan pada Model

Parameter	Definisi	Satuan
μ_r	Laju kelahiran/kematian tikus	/hari
β_r	Tingkat penularan dari tikus terinfeksi ke tikus rentan	/hari
μ_h	Laju kelahiran/kematian manusia	/hari
β_h	Tingkat penularan dari tikus terinfeksi ke manusia rentan	/hari
γ	Tingkat kesembuhan manusia terinfeksi	/hari

Selanjutnya didefinisikan himpunan

$$\Omega = \{(s_r, i_r, s_h, i_h, r_h) \in \mathbb{R}_+^5 \mid s_r + i_r = 1, s_h + i_h + r_h = 1\}$$

adalah himpunan invarian positif domain dari Sistem (1).

2. Titik Ekuilibrium

Sistem (1) mencapai titik ekuilibrium jika $\frac{ds_r}{dt} = \frac{di_r}{dt} = \frac{ds_h}{dt} = \frac{di_h}{dt} = \frac{dr_h}{dt} = 0$. Berikut ini akan diberikan Lemma mengenai titik ekuilibrium dari Sistem (1).

Lemma 1.

(i). Jika $i_r = i_h = 0$ maka Sistem (1) mempunyai titik ekuilibrium bebas virus Hanta

$$X_0 = (s_r, i_r, s_h, i_h, r_h) = (1, 0, 1, 0, 0).$$

(ii). Jika $i_r \neq 0$ dan $i_h \neq 0$ maka Sistem (1) mempunyai titik ekuilibrium endemik virus Hanta

$$X_1 = (s_r^*, i_r^*, s_h^*, i_h^*, r_h^*)$$

dengan

$$\begin{aligned} s_r^* &= \frac{\mu_r}{\beta_r}, \\ i_r^* &= \frac{\beta_r - \mu_r}{\beta_r}, \\ s_h^* &= \frac{\mu_h \beta_r}{k_2}, \\ i_h^* &= \frac{\mu_h \beta_h k_1}{k_2 k_3}, \\ r_h^* &= \frac{\gamma \beta_h k_1}{k_2 k_3}. \end{aligned}$$

dan

$$\begin{aligned} k_1 &= \beta_r - \mu_r, \\ k_2 &= \beta_h k_1 + \mu_h \beta_r, \\ k_3 &= \gamma + \mu_h. \end{aligned}$$

Bukti.

Sistem (2) dapat dinyatakan dengan



$$\mu_r - \beta_r s_r i_r - \mu_r s_r = 0 \quad (2a)$$

$$\beta_r s_r i_r - \mu_r i_r = 0 \quad (2b)$$

$$\mu_h - \beta_h s_h i_r - \mu_h s_h = 0 \quad (2c)$$

$$\beta_h s_h i_r - (\gamma + \mu_h) i_h = 0 \quad (2d)$$

$$\gamma i_h - \mu_h r_h = 0 \quad (2e)$$

(i). Jika $i_r = i_h = 0$ Persamaan (2a) dapat dinyatakan dengan

$$\mu_r - \beta_r s_r i_r - \mu_r s_r = 0$$

$$\mu_r - \mu_r s_r = 0$$

$$\mu_r = \mu_r s_r$$

$$s_r = 1 \quad (3)$$

Selanjutnya Persamaan (2c) menjadi

$$\mu_h - \beta_h s_h i_r - \mu_h s_h = 0$$

$$\mu_h - \mu_h s_h = 0$$

$$\mu_h = \mu_h s_h$$

$$s_h = 1 \quad (4)$$

Kemudian Persamaan (2e) diperoleh

$$\gamma i_h - \mu_h r_h = 0$$

$$\gamma i_h = \mu_h r_h$$

$$0 = \mu_h r_h$$

$$r_h = 0$$

(5)

Berdasarkan Persamaan (3), Persamaan (4), Persamaan (5), diperoleh titik ekuilibrium bebas virus Hanta $X_0 = (s_r, i_r, s_h, i_h, r_h) = (1, 0, 0, 1, 0, 0)$.

(ii). Jika $i_r \neq 0$ dan $i_h \neq 0$ Persamaan (2a) dapat dinyatakan dengan

$$\mu_r - \beta_r s_r^* i_r^* - \mu_r s_r^* = 0$$

$$\mu_r = \beta_r s_r^* i_r^* + \mu_r s_r^*$$

$$\mu_r = (\beta_r i_r^* + \mu_r) s_r^*$$

$$s_r^* = \frac{\mu_r}{\beta_r i_r^* + \mu_r}$$

(6)

Persamaan (2b) dapat dinyatakan dengan

$$\beta_r s_r^* i_r^* - \mu_r i_r^* = 0$$

$$\beta_r s_r^* i_r^* = \mu_r i_r^*$$

$$\beta_r s_r^* = \mu_r$$

$$s_r^* = \frac{\mu_r}{\beta_r}$$

(7)

Persamaan (6) di substitusi ke dalam Persamaan (7) sehingga

$$\frac{\mu_r}{\beta_r i_r^* + \mu_r} = \frac{\mu_r}{\beta_r}$$

$$\mu_r \beta_r = (\beta_r i_r^* + \mu_r) \mu_r$$

$$\mu_r \beta_r = \beta_r \mu_r i_r^* + \mu_r^2$$

$$\mu_r \beta_r - \mu_r^2 = \beta_r \mu_r i_r^*$$

$$i_r^* = \frac{\mu_r \beta_r - \mu_r^2}{\beta_r \mu_r}$$

$$i_r^* = \frac{\beta_r - \mu_r}{\beta_r}$$

$$i_r^* = \frac{k_1}{\beta_r}$$

(8)

Persamaan (2c) dapat dinyatakan dengan

$$\mu_h - \beta_h s_h^* i_r^* - \mu_h s_h^* = 0$$

$$\mu_h = \beta_h s_h^* i_r^* + \mu_h s_h^*$$

$$\mu_h = (\beta_h i_r^* + \mu_h) s_h^*$$



$$\frac{\mu_h}{\beta_h i_r^* + \mu_h} = s_h^* \quad (9)$$

Selanjutnya Persamaan (8) disubstitusi ke dalam Persamaan (9)

$$\begin{aligned} \frac{\mu_h}{\beta_h \left(\frac{k_1}{\beta_r} \right) + \mu_h} &= s_h^* \\ \frac{\mu_h}{\beta_h \left(\frac{k_1}{\beta_r} \right) + \left(\frac{\mu_h \beta_r}{\beta_r} \right)} &= s_h^* \\ \frac{\mu_h}{\left(\frac{\beta_h k_1 + \mu_h \beta_r}{\beta_r} \right)} &= s_h^* \\ \frac{\mu_h \beta_r}{\beta_h k_1 + \mu_h \beta_r} &= s_h^* \\ \frac{\mu_h \beta_r}{k_2} &= s_h^* \end{aligned} \quad (10)$$

Persamaan (2d) dapat dinyatakan dengan

$$\begin{aligned} \beta_h s_h^* i_r^* - k_3 i_h^* &= 0 \\ \beta_h s_h^* i_r^* &= k_3 i_h^* \\ \frac{\beta_h s_h^* i_r^*}{k_3} &= i_h^* \end{aligned} \quad (11)$$

Selanjutnya Persamaan (8) dan (9) disubstitusi ke dalam Persamaan (11)

$$\begin{aligned} \frac{\beta_h \left(\frac{\mu_h \beta_r}{k_2} \right) \left(\frac{k_1}{\beta_r} \right)}{k_3} &= i_h^* \\ \frac{\mu_h \beta_h k_1}{k_2 k_3} &= i_h^* \end{aligned} \quad (12)$$

Persamaan (2e) dapat dinyatakan dengan

$$\begin{aligned} \gamma i_h^* - \mu_h r_h^* &= 0 \\ \gamma i_h^* &= \mu_h r_h^* \\ \frac{\gamma i_h^*}{\mu_h} &= r_h^* \end{aligned} \quad (13)$$

Kemudian dengan mensubstitusi Persamaan (13) ke dalam Persamaan (2e) diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{\gamma \left(\mu_h \beta_h \left(\frac{k_1}{k_2 k_3} \right) \right)}{\mu_h} &= r_h^* \\ \gamma \left(\beta_h \left(\frac{k_1}{k_2 k_3} \right) \right) &= r_h^* \\ \frac{\gamma \beta_h k_1}{k_2 k_3} &= r_h^* \end{aligned} \quad (14)$$

Berdasarkan Persamaan (7), Persamaan (8), Persamaan (10), Persamaan (12), dan Persamaan (14) diperoleh titik ekuiliberium endemik $X_1 = (s_r^*, i_r^*, s_h^*, i_h^*, r_h^*)$ dengan

$$\begin{aligned} s_r^* &= \frac{\mu_r}{\beta_r}, \\ i_r^* &= \frac{\beta_r - \mu_r}{\beta_r}, \\ s_h^* &= \frac{\mu_h \beta_r}{k_2}, \end{aligned}$$

$$i_h^* = \frac{\mu_h \beta_h k_1}{k_2 k_3},$$

$$r_h^* = \frac{\gamma \beta_h k_1}{k_2 k_3}.$$

dan

$$k_1 = \beta_r - \mu_r,$$

$$k_2 = \beta_h k_1 + \mu_h \beta_r,$$

$$k_3 = \gamma + \mu_h,$$

3. Basic Reproduction Number

Pada penelitian ini hanya akan dibahas mengenai *basic reproduction number* model $s_r i_r s_h i_h r_h$ untuk penyebaran virus Hanta. Pada model ini, kelas terinfeksi adalah kelas i_r dan i_h , sehingga persamaan diferensial yang digunakan adalah

$$\frac{di_r}{dt} = \beta_r s_r i_r - \mu_r i_r$$

$$\frac{di_h}{dt} = \beta_h s_h i_r - k_3 i_h$$

Basic reproduction number akan dicari menggunakan teknik NGM dengan mendefinisikan matriks

$$F = \begin{bmatrix} \beta_r s_r i_r \\ \beta_h s_h i_r \end{bmatrix}$$

dan

$$V = \begin{bmatrix} \mu_r i_r \\ k_3 i_h \end{bmatrix}.$$

Selanjutnya matriks F dan V akan dilinearisasi disekitar titik ekuilibrium bebas virus, sehingga diperoleh matriks

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \beta_r s_r & 0 \\ \beta_h s_h & 0 \end{bmatrix}$$

dan

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix} \mu_r & 0 \\ 0 & k_3 \end{bmatrix}.$$

Selanjutnya invers dari matriks $\mathcal{V}$ diperoleh

$$\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\mu_r} & 0 \\ 0 & \frac{1}{k_3} \end{bmatrix}$$

dan

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta_r s_r}{\mu_r} & 0 \\ \frac{\beta_h s_h}{\mu_r} & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\beta_r}{\mu_r} & 0 \\ \frac{\beta_h}{\mu_r} & 0 \end{bmatrix}$$

Selanjutnya R_0 merupakan nilai eigen terbesar dari matriks $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$, sehingga diperoleh

$$R_0 = \frac{\beta_r}{\mu_r}$$

4. Eksistensi Titik Ekuilibrium Endemik

Eksistensi titik ekuilibrium endemik menunjukkan bahwa tikus maupun manusia yang terinfeksi virus Hanta ada dalam populasi. Berikut ini akan dijelaskan melalui Lemma dibawah ini.



Lemma 2.

1. Jika $R_0 < 1$, maka X_0 merupakan satu-satunya titik ekuilibrium pada Sistem (1);
2. Jika $R_0 > 1$, selain titik ekuilibrium X_0 terdapat titik ekuilibrium endemik X_1 .

Bukti

Diketahui

$$X_1 = (s_r^*, i_r^*, s_h^*, i_h^*, r_h^*)$$

dengan

$$\begin{aligned} s_r^* &= \frac{\mu_r}{\beta_r}, \\ i_r^* &= \frac{\beta_r - \mu_r}{\beta_r}, \\ s_h^* &= \frac{\mu_h \beta_r}{k_2}, \\ i_h^* &= \frac{\mu_h \beta_h k_1}{k_2 k_3}, \\ r_h^* &= \frac{\gamma \beta_h k_1}{k_2 k_3}. \end{aligned}$$

dan

$$\begin{aligned} k_1 &= \beta_r - \mu_r, \\ k_2 &= \beta_h k_1 + \mu_h \beta_r, \\ k_3 &= \gamma + \mu_h, \end{aligned}$$

Akan dibuktikan $i_r^* \geq 0$ dan $i_h^* \geq 0$.

Karena i_r^* dan i_h^* tergantung pada $k_1 > 0$ dan $0 \leq \beta_r, \beta_h, \mu_r, \mu_h, \gamma < 1$, maka akan dibuktikan bahwa k_1 positif.

k_1 dapat dinyatakan sebagai

$$k_1 = \beta_r - \mu_r$$

Akan dibuktikan $\beta_r - \mu_r > 0$.

$$R_0 > 1 \Rightarrow \frac{\beta_r}{\mu_r} > 1 \Rightarrow \beta_r > \mu_r \Rightarrow \beta_r - \mu_r > 0$$

1. Jika $R_0 < 1$, maka k_1 akan bernilai negatif. Karena populasi tidak mungkin bernilai negatif, maka titik ekuilibrium endemik tidak eksis. Dengan demikian, hanya terdapat titik ekuilibrium bebas virus X_0 .
2. Jika $R_0 > 1$, maka k_1 akan bernilai positif. Karena $k_1 > 0$, maka i_r^* dan i_h^* juga akan bernilai positif. Jadi, dapat disimpulkan bahwa $R_0 > 1$, Sistem (1) memiliki dua titik ekuilibrium yakni X_0 dan X_1 .

Jadi, terbukti $k_1 \geq 0$. Selanjutnya terbukti pula $i_r^*, i_h^* \geq 0$. Jadi, terbukti X_1 eksis.

Selanjutnya akan diberikan analisis kestabilan titik ekuilibrium bebas virus

5. Kestabilan Titik Ekuilibrium Bebas Virus

Pada artikel ini akan dibahas mengenai analisa kestabilan lokal disekitar titik ekuilibrium bebas virus melalui Lemma berikut ini.

Lemma 3.

Jika $R_0 < 1$ maka titik ekuilibrium $X_0 = (1,0,1,0,0)$ stabil asimtotik lokal.

Bukti



Matriks jacobian disekitar titik ekuilibrium X_0 adalah

$$J_{X_0} = \begin{bmatrix} -\beta_r i_r - \mu_r & -\beta_r s_r & 0 & 0 & 0 \\ \beta_r i_r & \beta_r s_r - \mu_r & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_h s_h & -\beta_h i_r - \mu_h & 0 & 0 \\ 0 & \beta_h s_h & \beta_h i_r & -(\gamma + \mu_h) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu_h \end{bmatrix}$$

$$J_{X_0} = \begin{bmatrix} -\mu_r & -\beta_r s_r & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_r s_r - \mu_r & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_h s_h & -\mu_h & 0 & 0 \\ 0 & \beta_h s_h & 0 & -k_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu_h \end{bmatrix}. \quad (18)$$

Persamaan karakteristik dari matriks Jacobian (14) yaitu $|J_{X_0} - \lambda I| = 0$ dengan λ nilai eigen adalah

$$\begin{vmatrix} -\mu_r - \lambda & -\beta_r s_r & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_r s_r - \mu_r - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_h s_h & -\mu_h - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & \beta_h s_h & 0 & -k_3 - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu_h - \lambda \end{vmatrix} = 0,$$

$$\begin{vmatrix} -\mu_r - \lambda & -\beta_r & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_r - \mu_r - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_h & -\mu_h - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & \beta_h & 0 & -k_3 - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu_h - \lambda \end{vmatrix} = 0,$$

$$(-\mu_r - \lambda)(\beta_r - \mu_r - \lambda)(-\mu_h - \lambda)(-k_3 - \lambda)(-\mu_h - \lambda) = 0.$$

Berdasarkan persamaan karakteristik di atas, diperoleh nilai eigen

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\mu_r \\ \lambda_2 &= \beta_r - \mu_r \\ \lambda_3 &= -\mu_h \\ \lambda_4 &= -k_3 \\ \lambda_5 &= -\mu_h \end{aligned}$$

Agar titik ekuilibrium bebas penyakit stabil lokal, semua nilai eigen harus bernilai negatif. Karena

$$\mu_r, \mu_h, \gamma > 0$$

maka memenuhi

$$\lambda_1, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5 < 0$$

Akan diselidiki nilai $\lambda_2 < 0$.

$$R_0 < 1 \Rightarrow \frac{\beta_r}{\mu_r} < 1$$

$$\Rightarrow \beta_r < \mu_r \Rightarrow \beta_r - \mu_r < 0$$

$$\Rightarrow \lambda_2 < 0$$

Dengan kata lain, titik ekuilibrium $X_0 = (1,0,1,0,0)$ stabil asimtotik lokal.

6. Simulasi Numerik

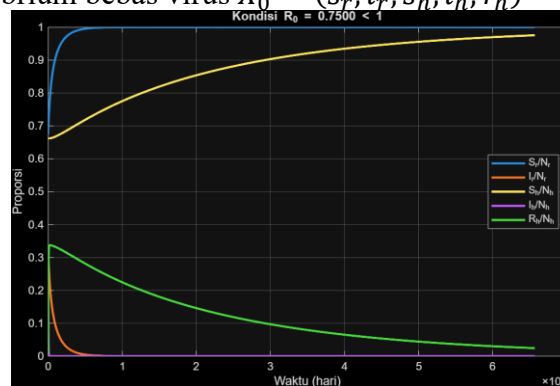
Pada bagian ini dilakukan simulasi numerik terhadap Sistem (2) untuk memverifikasi hasil analisis teoritis mengenai kestabilan titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium



endemik. Simulasi dilakukan menggunakan perangkat lunak MATLAB dengan menyelesaikan sistem persamaan diferensial secara numerik. Selain menggambarkan perilaku solusi sistem terhadap waktu, simulasi ini juga bertujuan mengonfirmasi kesesuaian antara hasil analisis kestabilan dengan dinamika sistem yang diperoleh secara numerik

Diberikan nilai awal $s_r(0) = 0,67444$, $i_r(0) = 0,3256$, $s_h(0) = 0,662$, $i_h(0) = 0,3313$, $r_h(0) = 0,0066$ dengan parameter $\mu_r = 0,002739726$, $\beta_r = 0,000000411$, $\mu_h = 0,0000369484$, $\beta_h = 0,00000002$, dan $\gamma = 0,033$.

Jika nilai-nilai parameter tersebut disubstitusikan pada Sistem (2), maka diperoleh $R_0 = 0,75 < 1$ dan titik ekuilibrium bebas virus $X_0 = (s_r, i_r, s_h, i_h, r_h) = (1,0,1,0,0)$.



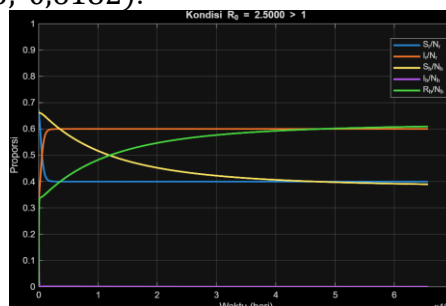
Gambar 2. Grafik Solusi Sistem (2) untuk $R_0 < 1$

Berdasarkan Gambar 2, seluruh solusi sistem bergerak menuju titik ekuilibrium bebas virus X_0 . Proporsi tikus rentan dan manusia rentan meningkat hingga mendekati satu, sedangkan proporsi tikus terinfeksi, manusia terinfeksi, dan manusia sembuh menurun menuju nol. Hal ini menunjukkan bahwa infeksi secara bertahap menghilang dari kedua populasi sehingga sistem mencapai kondisi bebas virus.

Hasil simulasi tersebut sesuai dengan hasil analisis kestabilan yang telah diperoleh sebelumnya, yaitu bahwa titik ekuilibrium bebas virus bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 < 1$. Nilai R_0 yang lebih kecil dari satu menunjukkan bahwa setiap individu terinfeksi menghasilkan kurang dari satu infeksi baru sehingga rantai penularan tidak dapat dipertahankan. Akibatnya, jumlah individu terinfeksi terus berkurang hingga akhirnya menghilang dari populasi.

Secara biologis, kondisi ini menunjukkan bahwa virus Hanta tidak mampu bertahan dalam populasi tikus sebagai reservoir utama. Berkurangnya populasi tikus yang terinfeksi menyebabkan peluang penularan kepada manusia semakin kecil hingga akhirnya tidak terjadi lagi kasus infeksi baru. Dengan demikian, kondisi $R_0 < 1$ menggambarkan keberhasilan pengendalian virus, di mana laju penularan telah ditekan sehingga penyebaran virus tidak lagi berkelanjutan. Hasil ini konsisten dengan teori epidemiologi yang menyatakan bahwa $R_0 < 1$ merupakan kondisi ambang (*threshold*) menuju eliminasi penyakit (Van den Driessche & Watmough, 2002).

Di lain pihak, ketika nilai $\beta_r = 0,0000013699$ dan $\beta_h = 0,00000002$ diperoleh $R_0 = 2,5 > 1$ dan titik ekuilibrium endemik $X_1 = (s_r^*, i_r^*, s_h^*, i_h^*, r_h^*) = (0,4, 0,6, 0,3811, 0,000685, 0,6182)$.



Gambar 3. Grafik Solusi Sistem (2) untuk $R_0 > 1$

Berdasarkan Gambar 3, solusi sistem tidak lagi menuju titik ekuilibrium bebas virus, melainkan menuju titik ekuilibrium endemik X_1 . Proporsi tikus terinfeksi bertahan pada nilai positif sehingga virus tetap berada di dalam populasi tikus sebagai reservoir alami. Akibatnya, penularan kepada manusia juga tetap berlangsung meskipun proporsi manusia terinfeksi relatif kecil.

Perilaku tersebut sesuai dengan hasil analisis teoritis yang menunjukkan bahwa titik ekuilibrium endemik eksis ketika $R_0 > 1$. Nilai bilangan reproduksi dasar yang melebihi satu mengindikasikan bahwa setiap individu terinfeksi mampu menghasilkan lebih dari satu infeksi baru sehingga rantai penularan dapat dipertahankan dalam populasi. Oleh karena itu, sistem tidak kembali ke kondisi bebas virus, melainkan mencapai keadaan endemik yang stabil.

Secara biologis, hasil simulasi menunjukkan bahwa keberadaan tikus yang terinfeksi sebagai reservoir alami merupakan faktor utama yang mempertahankan keberlangsungan penyebaran virus Hanta. Selama infeksi masih bertahan pada populasi tikus, peluang penularan kepada manusia akan tetap ada walaupun jumlah kasus pada manusia relatif rendah. Kondisi ini menunjukkan bahwa strategi pengendalian virus tidak cukup hanya berfokus pada penanganan kasus pada manusia, tetapi juga perlu diarahkan pada pengurangan populasi tikus yang terinfeksi serta pembatasan kontak antara tikus dan manusia agar nilai R_0 dapat ditekan hingga berada di bawah satu.

Secara keseluruhan, hasil simulasi numerik mendukung hasil analisis matematis yang telah diperoleh sebelumnya. Ketika $R_0 < 1$, solusi sistem selalu menuju titik ekuilibrium bebas virus, sedangkan ketika $R_0 > 1$, solusi sistem menuju titik ekuilibrium endemik. Hasil ini sejalan dengan teori kestabilan model epidemi yang menyatakan bahwa bilangan reproduksi dasar merupakan parameter ambang yang menentukan keberlangsungan penyebaran virus dalam suatu populasi (Van den Driessche & Watmough, 2002). Selain itu, hasil penelitian ini juga konsisten dengan penelitian mengenai dinamika penyebaran *Hantavirus* oleh Sauvage et al. (2003) dan Nungroho et al. (2020), yang menunjukkan bahwa keberadaan reservoir tikus memegang peranan penting dalam mempertahankan transmisi virus. Dengan demikian, model yang dikembangkan mampu merepresentasikan dinamika penyebaran virus Hanta secara matematis sekaligus memberikan dasar analitis untuk mengevaluasi efektivitas strategi pengendalian virus melalui pengurangan nilai bilangan reproduksi dasar.

D. Kesimpulan

Suatu model matematika yang merepresentasikan dinamika penyebaran virus Hanta pada populasi tikus dan manusia telah diformulasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinier. Berdasarkan analisis model, diperoleh dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas virus (X_0) dan titik ekuilibrium endemik (X_1). Kajian kestabilan lokal di sekitar titik ekuilibrium bebas virus dilakukan melalui pendekatan analisis nilai eigen menggunakan matriks Jacobian. Berdasarkan hasil analisis tersebut, diperoleh bahwa titik ekuilibrium bebas virus memiliki sifat stabil asimtotik lokal apabila bilangan reproduksi dasar (R_0) yang diperoleh dari metode *Next-Generation Matrix* memenuhi kondisi $R_0 < 1$.

Selanjutnya, dilakukan eksperimen simulasi numerik terhadap sistem dengan menggunakan program MATLAB pada dua skenario, yaitu ketika $R_0 < 1$ dan $R_0 > 1$. Hasil simulasi menunjukkan bahwa pada kondisi $R_0 < 1$, solusi sistem akan bergerak menuju titik ekuilibrium bebas virus (X_0), yang mengindikasikan bahwa dalam jangka panjang infeksi virus Hanta akan menghilang dari populasi tikus maupun manusia. Sebaliknya, apabila $R_0 > 1$, solusi sistem akan bergerak dan konvergen menuju titik ekuilibrium endemik (X_1), yang berarti virus Hanta akan tetap bertahan dan menjadi endemik dalam populasi reservoir tikus serta terus menginfeksi manusia.



Sebagai pengembangan penelitian, disarankan untuk melakukan analisis kestabilan lokal pada titik ekuilibrium endemik (X_1), mengingat eksistensinya telah teridentifikasi dan terbukti ada dalam sistem ketika $R_0 > 1$. Selain itu, analisis kestabilan global terhadap titik ekuilibrium bebas virus juga penting untuk dikaji lebih lanjut guna memperoleh pemahaman yang lebih komprehensif terhadap dinamika penyebaran virus Hanta secara menyeluruh.

DAFTAR PUSTAKA

- Driessche, P. van den, dan Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180:29–48.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., dan Roberts, M. G. (2010). The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface*, 7:873–885.
- Jonsson, C. B., dkk. (2010). A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. *Clinical Microbiology Reviews*, 23(2):412–441.
- Kusumawardani, E., dkk. (2015). Faktor Lingkungan dan Keberadaan Tikus Terinfeksi Hantavirus di Pelabuhan Panjang, Lampung. *Jurnal Vektor Penyakit*, 9(1):15–22.
- Nungroho, A. D., dkk. (2020). Analisis Dinamika Model Matematika Penyebaran Virus Hanta dengan Transmisi Tidak Langsung. *Jurnal Matematika dan Aplikasinya*, 19(2):105–118.
- Sauvage, F., dkk. (2003). Modelling hantavirus in fluctuating populations of bank voles: the role of indirect transmission on virus persistence. *Journal of Animal Ecology*, 72:1–13.
- Tengger, B. A., & Winarni, A. (2022). SIQS Epidemic Model With Bilinear Incidence. *Mathline: Jurnal Matematika dan Pendidikan Matematika*, Vol.7 No. 1, 110 -120.
- Widayati, R., & Reviladi, I. (2023). Analisa kestabilan bebas kecanduan pada penyebaran penggunaan media sosial berdasarkan model SEARQS. *Pythagoras: Jurnal Matematika dan Pendidikan Matematika*, 18(1), 37-47.
- Widowati, & Sutimin. (2017). *Buku Ajar Pemodelan Matematika*. Semarang: FMIPA Universitas Diponegoro.
- World Health Organization (WHO). (2021). *Fact Sheets: Hantavirus Pulmonary Syndrome and Hemorrhagic Fever with Renal Syndrome*. Geneva: WHO Press.

