

ANALISIS DINAMIK MODEL PENYEBARAN VIRUS NIPAH PADA MANUSIA DAN KELELAWAR DENGAN PENGARUH VAKSINASI

Kasih Aji Wijayanti

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya, Indonesia

e-mail : kasihaji.21011@mhs.unesa.ac.id*

Budi Priyo Prawoto

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya, Indonesia

e-mail : budiprawoto@unesa.ac.id

Abstrak

Virus Nipah merupakan penyakit zoonosis yang berasal dari kelelawar buah dari genus *Pteropus*, yang berperan sebagai reservoir alami dan dapat menularkan virus ini kepada manusia tanpa menunjukkan gejala klinis. Tingginya angka kematian serta belum tersedianya terapi yang efektif menjadikan vaksinasi sebagai strategi penting dalam pengendalian penyebaran virus ini. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis dinamika penyebaran virus Nipah antara populasi kelelawar dan manusia dengan mempertimbangkan pengaruh vaksinasi. Model yang digunakan adalah model SVEIR untuk manusia dan model SI untuk kelelawar. Model ini memuat tujuh subpopulasi yaitu manusia rentan (S_H), manusia tervaksinasi (V_H), manusia terpapar (E_H), manusia terinfeksi (I_H), manusia sembuh (R_H), kelelawar rentan (S_B), dan kelelawar terinfeksi (I_B). Didapatkan dua titik kesetimbangan, yakni titik kesetimbangan bebas penyakit T_0 dan titik kesetimbangan endemik T_1 . Analisis kestabilan dilakukan terhadap titik kesetimbangan bebas penyakit menggunakan pendekatan Jacobian, serta Next Generation Matrix (NGM) untuk menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0). Titik kesetimbangan bebas penyakit stabil ketika memenuhi syarat kestabilan yaitu laju penularan antar kelelawar β_3 harus memenuhi syarat: $\beta_3 < \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$, sedangkan titik kesetimbangan endemik stabil ketika memenuhi syarat kestabilan $\beta_3 > \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$. Didapatkan $R_0 = \frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B^2}$. Jika $R_0 < 1$ maka penyakit akan punah dari populasi dan jika $R_0 > 1$ maka penyakit akan tetap endemik dalam populasi. Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa peningkatan laju vaksinasi manusia ω_H dapat menurunkan jumlah individu yang rentan, terpapar, dan terinfeksi, sembuh serta mempercepat pemusnahan infeksi, baik dalam kondisi bebas penyakit maupun endemik. Namun, vaksinasi tidak memengaruhi dinamika populasi kelelawar oleh karena itu, strategi pengendalian tambahan pada populasi kelelawar diperlukan guna memutus rantai penularan secara komprehensif.

Kata Kunci: Virus Nipah, Vaksinasi, Syarat Kestabilan, Bilangan Reproduksi Dasar, Simulasi Numerik.

Abstract

Nipah virus is a zoonotic disease originating from fruit bats of the *Pteropus* genus, which serve as natural reservoirs and can transmit the virus to humans without showing clinical symptoms. Due to its high fatality rate and the absence of effective treatments, vaccination is considered a key strategy in controlling its spread. This study aims to analyze the transmission dynamics of the Nipah virus between bat and human populations by incorporating the effect of vaccination. The model used combines an SVEIR framework for humans and an SI model for bats, consisting of seven subpopulations: susceptible humans (S_H), vaccinated humans (V_H), exposed (E_H), infected (I_H), recovered (R_H), susceptible bats (S_B), and infected bats (I_B). Two equilibrium points are identified: the disease-free equilibrium (T_0) and the endemic equilibrium (T_1). Stability analysis of T_0 is conducted using the Jacobian matrix, while the basic reproduction number (R_0) is derived through the Next Generation Matrix (NGM). The disease-free equilibrium is stable if $\beta_3 < \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$, and the endemic equilibrium is stable if $\beta_3 > \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$, with $R_0 = \frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B^2}$. If $R_0 < 1$, the disease will die out; if $R_0 > 1$, it will persist endemically. Numerical simulations show that increasing the human vaccination rate (ω_H) reduces the number of susceptible, exposed, and infected individuals, and accelerates disease elimination. However, vaccination has no effect on bat dynamics, indicating that additional control strategies targeting bats are necessary for comprehensive prevention.

Keywords: Nipah Virus, Vaccination, Stability Condition, Basic Reproduction Number, Numerical Simulation

PENDAHULUAN

Virus Nipah merupakan virus RNA dari famili Paramyxoviridae dan genus Henipavirus (Shariff, 2019). Kelelawar buah dari genus Pteropus telah diidentifikasi sebagai reservoir alami virus ini (Rampengan, 2016). Kelelawar yang terinfeksi tidak menunjukkan gejala klinis tetapi dapat menyebarkan virus melalui urin, feses, dan sekresi saluran pernapasan (Letko et al., 2020). Penularan virus kepada manusia dapat terjadi melalui kontak langsung dengan kelelawar atau benda yang terkontaminasi (Shapshak et al., 2015). Di Indonesia, telah ditemukan kasus infeksi virus Nipah pada kelelawar (Moore et al., 2024). Virus ini juga dapat menyebar melalui inang perantara seperti babi, kuda, dan hewan lain (WHO, 2018).

Wabah pertama terjadi di Malaysia pada 1998, melibatkan manusia dan babi. Virus ini kemudian diidentifikasi sebagai Nipah virus setelah ditemukan pada pasien di Desa Sungai Nipah, Malaysia (Chua, 2003). Wabah menyebar hingga ke Singapura dan Filipina, serta terus terjadi di Bangladesh dan India, dengan transmisi yang melibatkan hewan dan manusia (Ching et al., 2015). Bangladesh tercatat sebagai negara dengan jumlah kasus dan kematian tertinggi akibat virus ini.

Tingkat kematian virus Nipah berbeda antar negara dan strain. Strain Bangladesh (NiV-B) cenderung menyebabkan penyakit pernapasan berat, sementara strain Malaysia (NiV-M) lebih terkait dengan ensefalitis (Garbuglia et al., 2023). NiV-B dilaporkan hampir setiap tahun sejak 2001, sedangkan NiV-M tidak lagi menunjukkan wabah serupa. Hingga Mei 2024, terdapat 754 kasus manusia dengan 435 kematian (Khan et al., 2024). Belum tersedia terapi yang disetujui untuk menangani infeksi virus Nipah. Pendekatan pengobatan bersifat suportif (Kumar et al., 2019). Uji klinis vaksin pada manusia dimulai pada Januari 2024 (Oxford Vaccine Group, 2024).

Kehadiran virus Nipah pada kelelawar di Indonesia menegaskan urgensi untuk memahami dinamika penyebarannya secara matematis. Pemodelan matematika dapat mengevaluasi efektivitas strategi pengendalian seperti vaksinasi. Namun, studi mengenai model matematis

penyebaran virus Nipah masih terbatas. Oleh karena itu, penelitian ini penting dilakukan untuk mengisi celah antara fakta lapangan dan kebutuhan mitigasi penyebaran virus.

Penelitian oleh (Shah et al., 2018) mengembangkan model SEI (*Susceptible-Exposed-Infected*) untuk mengkaji dinamika infeksi antara kelelawar dan manusia, serta menekankan pentingnya tingkat escape. Sementara itu, (Barua & Dénes, 2023) memodelkan transmisi virus antara manusia, babi, dan kelelawar menggunakan model SIR untuk masing-masing spesies, dengan culling sebagai strategi intervensi (Luke et al., 2023) mengembangkan model kompleks dengan 17 kompartemen untuk mengevaluasi efektivitas vaksin dan penggunaan kondom dalam mencegah infeksi antar manusia dan dari babi ke manusia.

Penelitian ini memfokuskan diri pada dua spesies utama yaitu kelelawar dan manusia. Kelelawar berperan sebagai reservoir alami dan sumber penularan utama. Penelitian ini juga mengkaji efektivitas vaksinasi sebagai strategi pengendalian, sejalan dengan perkembangan vaksin virus Nipah yang tengah diuji secara klinis. Vaksinasi diharapkan mampu memutus rantai penularan dan meningkatkan kekebalan populasi manusia yang rentan terhadap virus.

Model yang digunakan dalam penelitian ini merupakan hasil modifikasi dari beberapa model sebelumnya. Model SEI untuk manusia dan SI untuk kelelawar dari (Shah et al., 2018) dikembangkan lebih lanjut dengan menambahkan kompartemen R (*Recovered*) sebagaimana digunakan oleh (Barua & Dénes, 2023) serta kompartemen V (*Vaccinated*) seperti pada penelitian (Luke et al., 2023). Dengan demikian, penelitian ini menggunakan model SVEIR (*Susceptible-Vaccinated-Exposed-Infected-Recovered*) untuk manusia dan model SI untuk kelelawar. Model ini bertujuan untuk menganalisis penyebaran virus Nipah antara manusia dan kelelawar, serta mengevaluasi dampak vaksinasi sebagai upaya pengendalian penyebaran.

KAJIAN TEORI

VIRUS NIPAH

Virus Nipah adalah virus RNA dari famili Paramyxoviridae dan genus Henipavirus dengan kelelawar buah (Pteropus) sebagai reservoir

alaminya. Kelelawar dapat membawa virus ini tanpa gejala dan menularkannya melalui urin, feses, atau sekresi pernapasan (Letko et al., 2020). Penyebaran juga dapat terjadi melalui buah yang terkontaminasi (Shapshak et al., 2015). Mobilitas kelelawar memperluas distribusi geografis virus ini hingga Asia Tenggara, termasuk Indonesia (Moore et al., 2024).

Aktivitas manusia seperti deforestasi turut meningkatkan kontak antara kelelawar dan manusia. Selain itu, hewan seperti babi, kuda, dan kambing juga dapat menjadi inang perantara (WHO, 2018). Virus Nipah memiliki masa inkubasi 4–14 hari dan dapat bertahan di media seperti nira atau buah hingga beberapa hari (WHO, 2024). Gejala umumnya meliputi demam, nyeri otot, hingga ensefalitis (Rampengan, 2016).

Wabah pertama terjadi di Malaysia tahun 1998 dan menyebar ke Singapura, Filipina, Bangladesh, dan India (Khan et al., 2024). Strain Bangladesh (NiV-B) dan Malaysia (NiV-M) memiliki karakteristik klinis berbeda (Garbuglia et al., 2023). Penularan dari manusia ke manusia telah dilaporkan, terutama di Bangladesh dan India (Ching et al., 2015).

Hingga kini belum ada terapi yang disetujui untuk Nipah, meskipun beberapa kandidat seperti antibodi monoklonal dan ribavirin telah diuji (Chan et al., 2024). Uji klinis vaksin pertama (ChAdOx1-NiV) dimulai pada Januari 2024 di Inggris dengan basis protein F, G, dan M dari virus (Geevarghese & Christi, 2023).

MODEL SIR

Model Kermack-McKendrick pertama kali dikembangkan pada tahun 1927 sebagai model dasar dalam mempelajari penyebaran penyakit menular (Bastin, 2018). Model ini dikenal sebagai model SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*) yang membagi populasi ke dalam tiga kompartemen, yaitu individu yang rentan (S), terinfeksi (I), dan sembuh (R). Dalam model ini diasumsikan bahwa populasi bersifat tertutup, penularan terjadi melalui kontak langsung antara individu yang rentan dan terinfeksi, serta individu yang sembuh akan memperoleh kekebalan permanen.

Bentuk sistem model SIR dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS, \frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I, \frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (1)$$

dengan β adalah tingkat penularan penyakit dan γ adalah tingkat penyembuhan.

SISTEM PERSAMAAN DIFERENSIAL

Sistem persamaan diferensial adalah sistem yang memuat n persamaan diferensial, di mana n merupakan bilangan bulat positif yang lebih besar sama dengan 2. Bentuk umum dari suatu sistem persamaan diferensial orde satu dengan n fungsi kontinu dapat ditulis:

$$\begin{aligned} x_1' &= f_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ x_2' &= f_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ &\vdots \\ x_n' &= f_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n). \end{aligned} \quad (2)$$

Jika setiap fungsi $f_1, f_2, \dots, f_n$ berupa fungsi linier dari variabel $x_1, x_2, \dots, x_n$ maka persamaan (2) disebut sistem persamaan diferensial biasa linier, sedangkan jika tidak demikian, maka disebut sistem persamaan diferensial biasa non-linier (Boyce et al., 2017).

TITIK KESETIMBANGAN

Titik kesetimbangan atau titik ekuilibrium didefinisikan sebagai titik yang nilainya tidak akan berubah seiring berjalannya waktu. Suatu sistem persamaan diferensial otonom dapat ditulis sebagai berikut,

$$\mathbf{x}'(t) = \mathbf{f}(\mathbf{x}), \mathbf{x} \in \mathbb{R}^n. \quad (3)$$

Persamaan (3) memiliki titik kesetimbangan $\bar{\mathbf{x}}$ yang memenuhi $\mathbf{f}(\bar{\mathbf{x}}) = \mathbf{0}$ (Sumardi, 2022).

LINEARISASI

Linearisasi dilakukan terhadap sistem nonlinear di sekitar titik kesetimbangannya guna mempermudah untuk melihat perilaku di sekitar titik kesetimbangannya. Linearisasi dapat dilakukan dengan deret Taylor untuk menemukan pendekatan solusi di sekitar titik kesetimbangan. Rumus dari linearisasi suatu sistem adalah

$$\mathbf{u}' = \mathbf{J} \mathbf{u} \quad \frac{d}{dt} \begin{pmatrix} u_1 \\ u_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\partial F}{\partial x}(x_0, y_0) & \frac{\partial F}{\partial y}(x_0, y_0) \\ \frac{\partial G}{\partial x}(x_0, y_0) & \frac{\partial G}{\partial y}(x_0, y_0) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u_1 \\ u_2 \end{pmatrix}. \quad (4)$$

Matriks $\mathbf{J}$ merupakan matriks Jacobian dari fungsi F dan G terhadap x dan y (Boyce et al., 2017).

NILAI EIGEN

Nilai eigen digunakan untuk menganalisis kestabilan titik kesetimbangan. Misalkan $\mathbf{A}$ adalah matriks $n \times n$. Maka skalar (λ) disebut nilai eigen jika terdapat vektor tak nol $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$, sehingga $\mathbf{A}\mathbf{x} = \lambda\mathbf{x}$.

Nilai eigen diperoleh dari penyelesaian persamaan karakteristik:

$$\det(\mathbf{A} - \lambda \mathbf{I}) = 0, \quad (5)$$

(Anton & Rorres, 2013).

BILANGAN REPRODUKSI DASAR

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0) adalah parameter penting dalam model epidemi yang menunjukkan rata-rata jumlah individu rentan yang dapat terinfeksi oleh satu individu terinfeksi dalam populasi yang sepenuhnya rentan. Nilai R_0 digunakan untuk menentukan potensi penyebaran penyakit:

- $R_0 < 1$: penyakit akan punah,
- $R_0 > 1$: penyakit akan tetap ada dalam populasi (Sinaga et al., 2021)

Metode yang digunakan untuk menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) salah satunya adalah *Next Generation Matrix* (NGM). Dalam metode ini, infeksi baru dipisahkan dari seluruh perubahan lain dalam populasi. Laju infeksi baru pada suatu kompartemen dilambangkan dengan $\mathcal{F}_i$, sedangkan $\mathcal{V}_i$ menyatakan laju perpindahan individu masuk atau keluar dari kompartemen tersebut. Matriks $\mathbf{F}$ dan $\mathbf{V}$ masing-masing berukuran $n \times n$, dengan

$$\mathbf{F} = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(0, y_0) \right], \mathbf{V} = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(0, y_0) \right], \quad (6)$$

$(0, y_0)$ merupakan titik keseimbangan bebas penyakit. Selanjutnya, matriks generasi selanjutnya didefinisikan sebagai $\mathbf{K} = \mathbf{FV}^{-1}$, sehingga bilangan reproduksi dasar diperoleh dari

$$R_0 = \rho(\mathbf{K}) = \rho(\mathbf{FV}^{-1}) \quad (7)$$

dengan ρ merupakan nilai eigen terbesar dari matriks $\mathbf{K}$ (Driessche & Watmough, 2002).

METODE

Jenis penelitian ini adalah studi literatur yang membahas penyebaran virus Nipah pada manusia dan kelelawar dengan pengaruh vaksinasi menggunakan model SVEIR untuk populasi manusia dan model SI untuk populasi kelelawar. Informasi dan data diperoleh dari berbagai sumber seperti buku, jurnal ilmiah, dan referensi daring, termasuk dari Shah et al. (2018), Barua & Dénes (2023), dan Luke et al. (2023). Model dan diagram kompartemen akan divisualisasikan menggunakan Matlab.

Tahapan penelitian meliputi studi literatur, penyusunan asumsi dan batasan masalah,

pembentukan diagram kompartemen dan sistem persamaan diferensial, penentuan serta analisis kestabilan titik kesetimbangan, perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0) menggunakan *Next Generation Matrix*, dan simulasi numerik dengan *Matlab*. Penelitian ditutup dengan penarikan kesimpulan dan saran.

HASIL DAN PEMBAHASAN

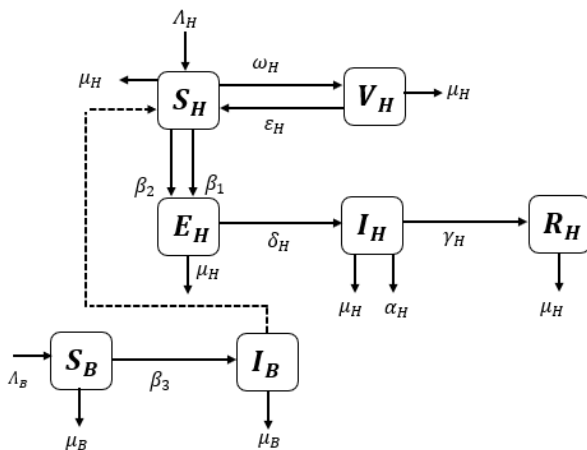
Model penyebaran virus Nipah dengan adanya vaksinasi melibatkan dua populasi, yaitu populasi manusia dan populasi kelelawar. Populasi manusia dibagi menjadi lima subpopulasi, yaitu manusia rentan (S_H), manusia tervaksinasi (V_H) manusia terpapar (E_H), manusia terinfeksi (I_H), dan manusia sembuh (R_H). Sementara itu, populasi kelelawar dibagi menjadi dua subpopulasi, yaitu kelelawar rentan (S_B) dan kelelawar terinfeksi (I_B).

Berikut ini diberikan beberapa asumsi yang digunakan dalam membentuk model penyebaran

1. Pada populasi hanya terdapat penyakit yang disebabkan oleh virus Nipah dengan strain NiV-B, tidak ada penyakit lain meskipun memiliki gejala yang serupa.
2. Populasi dibagi menjadi dua: manusia dan kelelawar.
3. Penularan virus hanya terjadi dari kelelawar ke manusia, tidak sebaliknya.
4. Kelelawar terinfeksi tidak mengalami kematian karena infeksi dan tidak menunjukkan gejala klinis.
5. Terdapat interaksi antara manusia dan kelelawar akibat kontak tidak langsung, seperti konsumsi buah atau paparan benda yang terkontaminasi oleh urin, feses, atau sekresi saluran pernapasan dari kelelawar yang terinfeksi.
6. Populasi manusia dan kelelawar bersifat tertutup (tidak terjadi proses migrasi antar wilayah).
7. Manusia dan kelelawar yang baru lahir rentan terhadap infeksi virus Nipah dan masuk ke subpopulasi rentan dengan kelahiran sebanyak Λ_H untuk manusia dan Λ_B .
8. Setiap subpopulasi mengalami kematian alami dengan tingkat μ_H pada manusia dan μ_B pada kelelawar.
9. Vaksinasi diberikan hanya kepada manusia yang rentan dengan laju vaksinasi sebesar ω_H .

10. Vaksin tidak permanen, manusia tervaksin dapat kembali menjadi rentan dengan laju ε_H
11. Manusia rentan dapat terinfeksi melalui kontak dengan manusia terinfeksi dengan laju β_1 atau benda/buah yang terkontaminasi kelelawar dengan laju β_2 .
12. Individu dari subpopulasi terpapar tidak dapat menularkan infeksi virus.
13. Manusia terpapar dapat menjadi terinfeksi dengan laju δ_H .
14. Manusia terinfeksi dapat sembuh dengan laju γ_H dan mengalami kematian akibat infeksi virus Nipah dengan laju sebesar α_H .
15. Kelelawar rentan terinfeksi melalui kontak dengan kelelawar terinfeksi atau buah terkontaminasi dengan laju β_3 .
16. Penularan antar kelelawar terjadi melalui kontak langsung dan konsumsi buah terkontaminasi.
17. Belum ada terapi yang disetujui, sehingga pencegahan fokus pada vaksinasi.
18. Manusia yang sembuh dianggap kebal terhadap infeksi ulang karena belum ada bukti kuat reinfeksi.

Berdasarkan asumsi – asumsi yang telah disebutkan, terdapat diagram kompartemen sebagai berikut :



Gambar 1. Diagram Kompartemen

Parameter yang digunakan dalam model ini sebagai berikut,

Tabel 1. Parameter dan Definisi

Parameter	Definisi
Λ_H	Laju kelahiran alami manusia.
Λ_B	Laju kelahiran alami kelelawar.

Parameter	Definisi
μ_H	Laju kematian alami manusia.
μ_B	Laju kematian alami kelelawar.
ω_H	Laju vaksinasi manusia rentan.
ε_H	Laju manusia yang telah divaksinasi menjadi rentan
β_1	Laju penularan virus Nipah antara manusia terinfeksi dengan manusia rentan.
β_2	Laju penularan virus Nipah dari kelelawar terinfeksi ke manusia rentan melalui kontak dengan buah atau benda yang terkontaminasi sekresi atau urin kelelawar terinfeksi.
β_3	Laju penularan virus Nipah antara kelelawar yang terinfeksi dan kelelawar rentan.
δ_H	Laju perkembangan manusia dari terpapar menjadi terinfeksi.
γ_H	Laju kesembuhan manusia terinfeksi.
α_H	Laju kematian manusia akibat infeksi virus Nipah.

Dengan penjelasan-penjelasan di atas maka dapat dibentuk model SVEIR-SI penyebaran virus Nipah pada populasi manusia dan sebagai berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_H}{dt} &= \Lambda_H + \varepsilon_H V_H - \beta_1 S_H I_H - \beta_2 S_H I_B - \omega_H S_H - \mu_H S_H, \\
 \frac{dV_H}{dt} &= \omega_H S_H - \varepsilon_H V_H - \mu_H V_H, \\
 \frac{dE_H}{dt} &= \beta_1 S_H I_H + \beta_2 S_H I_B - \delta_H E_H - \mu_H E_H, \\
 \frac{dI_H}{dt} &= \delta_H E_H - \gamma_H I_H - \alpha_H I_H - \mu_H I_H, \\
 \frac{dR_H}{dt} &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H, \\
 \frac{dS_B}{dt} &= \Lambda_B - \beta_3 S_B I_B - \mu_B S_B, \\
 \frac{dI_B}{dt} &= \beta_3 S_B I_B - \mu_B I_B.
 \end{aligned} \tag{8}$$

TITIK KESETIMBANGAN

Titik kesetimbangan bebas penyakit dinyatakan sebagai

$$T_0 = (S_H, V_H, E_H, I_H, R_H, S_B, I_B) = \left(\frac{\Lambda_H(\varepsilon_H + \mu_H)}{\mu_H(\omega_H + \varepsilon_H + \mu_H)}, \frac{\omega_H \Lambda_H}{\mu_H(\omega_H + \varepsilon_H + \mu_H)}, 0, 0, 0, \frac{\Lambda_B}{\mu_B}, 0 \right) \tag{9}$$

Titik kesetimbangan endemik pada model ini terjadi ketika infeksi berlangsung secara bersamaan pada populasi manusia dan kelelawar, yaitu saat $I_H \neq 0$

0 dan $I_B \neq 0$ dengan $S_H \neq 0, V_H \neq 0, E_H \neq 0, I_H \neq 0, R_H \neq 0, S_B \neq 0, I_B \neq 0$. Titik ini dinyatakan sebagai: $T_1 = (S_H^*, V_H^*, E_H^*, I_H^*, R_H^*, S_B^*, I_B^*)$. (10)

Selain itu terdapat kondisi $I_B = 0, I_H \neq 0$ di mana infeksi hanya terjadi pada manusia, sementara kelelawar bebas dari infeksi.

ANALISIS KESTABILAN TITIK

KESETIMBANGAN BEBAS PENYAKIT

Menentukan kestabilan titik kesetimbangan menggunakan matriks Jacobian sebagai berikut.

$$J = \begin{pmatrix} \frac{\partial S_H}{\partial S_H} & \frac{\partial S_H}{\partial V_H} & \frac{\partial S_H}{\partial E_H} & \frac{\partial S_H}{\partial I_H} & \frac{\partial S_H}{\partial R_H} & \frac{\partial S_H}{\partial S_B} & \frac{\partial S_H}{\partial I_B} \\ \frac{\partial V_H}{\partial S_H} & \frac{\partial V_H}{\partial V_H} & \frac{\partial V_H}{\partial E_H} & \frac{\partial V_H}{\partial I_H} & \frac{\partial V_H}{\partial R_H} & \frac{\partial V_H}{\partial S_B} & \frac{\partial V_H}{\partial I_B} \\ \frac{\partial E_H}{\partial S_H} & \frac{\partial E_H}{\partial V_H} & \frac{\partial E_H}{\partial E_H} & \frac{\partial E_H}{\partial I_H} & \frac{\partial E_H}{\partial R_H} & \frac{\partial E_H}{\partial S_B} & \frac{\partial E_H}{\partial I_B} \\ \frac{\partial I_H}{\partial S_H} & \frac{\partial I_H}{\partial V_H} & \frac{\partial I_H}{\partial E_H} & \frac{\partial I_H}{\partial I_H} & \frac{\partial I_H}{\partial R_H} & \frac{\partial I_H}{\partial S_B} & \frac{\partial I_H}{\partial I_B} \\ \frac{\partial R_H}{\partial S_H} & \frac{\partial R_H}{\partial V_H} & \frac{\partial R_H}{\partial E_H} & \frac{\partial R_H}{\partial I_H} & \frac{\partial R_H}{\partial R_H} & \frac{\partial R_H}{\partial S_B} & \frac{\partial R_H}{\partial I_B} \\ \frac{\partial S_B}{\partial S_H} & \frac{\partial S_B}{\partial V_H} & \frac{\partial S_B}{\partial E_H} & \frac{\partial S_B}{\partial I_H} & \frac{\partial S_B}{\partial R_H} & \frac{\partial S_B}{\partial S_B} & \frac{\partial S_B}{\partial I_B} \\ \frac{\partial I_B}{\partial S_H} & \frac{\partial I_B}{\partial V_H} & \frac{\partial I_B}{\partial E_H} & \frac{\partial I_B}{\partial I_H} & \frac{\partial I_B}{\partial R_H} & \frac{\partial I_B}{\partial S_B} & \frac{\partial I_B}{\partial I_B} \end{pmatrix}, \quad (11)$$

lalu substitusi nilai titik kesetimbangan bebas penyakit pada T_0 dan didapatkan persamaan karakteristik dari $\det(J(T_0) - \lambda I) = 0$ adalah

$$\begin{aligned} &(-\omega_H - \mu_H - \lambda)(-\varepsilon_H - \mu_H - \lambda)(-\delta_H - \mu_H - \lambda) \\ &(-\gamma_H - \alpha_H - \mu_H - \lambda)(-\mu_H - \lambda)(-\mu_B - \lambda) \\ &\left(\frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B} - \mu_B - \lambda\right). \end{aligned}$$

Maka didapatkan nilai eigen sebagai berikut,

$$\lambda_1 = -\omega_H - \mu_H, \quad \lambda_2 = -\varepsilon_H - \mu_H, \quad \lambda_3 = -\delta_H - \mu_H, \quad \lambda_4 = -\gamma_H - \alpha_H - \mu_H, \quad \lambda_5 = -\mu_H, \quad \lambda_6 = -\mu_B, \quad \lambda_7 = \frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B} - \mu_B.$$

Dari nilai eigen yang dihasilkan dapat disimpulkan bahwa nilai $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 selalu bernilai negatif karena parameter-parameter yang digunakan positif. Berdasarkan kriteria kestabilan λ_7 juga harus negatif agar titik kesetimbangan bebas penyakit stabil. Syarat kestabilan untuk λ_7 yaitu :

$$\beta_3 < \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}. \quad (12)$$

Dari analisis kestabilan di atas diketahui bahwa ketika $\beta_3 < \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$ menjadikan titik bebas penyakitnya stabil. Namun sebaliknya, ketika $\beta_3 > \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$ menjadikan titik bebas penyakit tidak stabil dan titik endemik yang stabil.

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Bilangan reproduksi dasar (R_0) pada penelitian ini didapatkan dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix* (NGM) yang dapat dicari dari kompartemen infeksi. Kompartemen infeksi dalam penelitian ini terdapat pada subpopulasi *Exposed Human* (E_H), *Infected Human* (I_H), dan *Infected Bat* (I_B).

Vektor F dan V dapat dituliskan sebagai berikut.

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_1 S_H & \beta_2 S_H \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta_3 S_B \end{pmatrix}, \quad V = \begin{pmatrix} \delta_H + \mu_H & 0 & 0 \\ -\delta_H & \gamma_H + \alpha_H + \mu_H & 0 \\ 0 & 0 & \mu_B \end{pmatrix}.$$

Next Generation Matrix (NGM) yang dinotasikan dengan K ditulis sebagai berikut.

$$K = FV^{-1},$$

$$K = \begin{pmatrix} 0 & \beta_1 S_H & \beta_2 S_H \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta_3 S_B \end{pmatrix}.$$

$$K = \begin{pmatrix} \frac{1}{(\delta_H + \mu_H)} & 0 & 0 \\ \frac{-\delta_H}{(\delta_H + \mu_H)(\gamma_H + \alpha_H + \mu_H)} & \frac{1}{(\gamma_H + \alpha_H + \mu_H)} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\mu_B} \end{pmatrix}, \quad K = \begin{pmatrix} \frac{\beta_1 S_H (-\delta_H)}{(\delta_H + \mu_H)(\gamma_H + \alpha_H + \mu_H)} & \frac{\beta_1 S_H}{(\gamma_H + \alpha_H + \mu_H)} & \frac{\beta_2 S_H}{\mu_B} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta_3 S_B}{\mu_B} \end{pmatrix},$$

Didapatkan nilai eigen sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \frac{-(\beta_1 \delta_H)(\Lambda_H(\varepsilon_H + \mu_H))}{(\mu_H(\omega_H + \varepsilon_H + \mu_H))(\delta_H + \mu_H)(\gamma_H + \alpha_H + \mu_H)}, \\ \lambda_2 &= 0, \\ \lambda_3 &= \frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B^2}. \end{aligned}$$

Bilangan reproduksi dasar (R_0) diperoleh dari nilai dominan matriks K , sehingga didapatkan

$$R_0 = \frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B^2}. \quad (13)$$

SIMULASI NUMERIK

Simulasi numerik dilakukan dengan nilai awal pada populasi manusia adalah $S_{H_0} = 50, V_{H_0} = 10, E_{H_0} = 15, I_{H_0} = 10, R_{H_0} = 5, S_{B_0} = 10, I_{B_0} = 5$, dengan waktu $t = 700$ hari. Parameter-parameter yang digunakan dalam penelitian ini disajikan dalam bentuk tabel berikut.

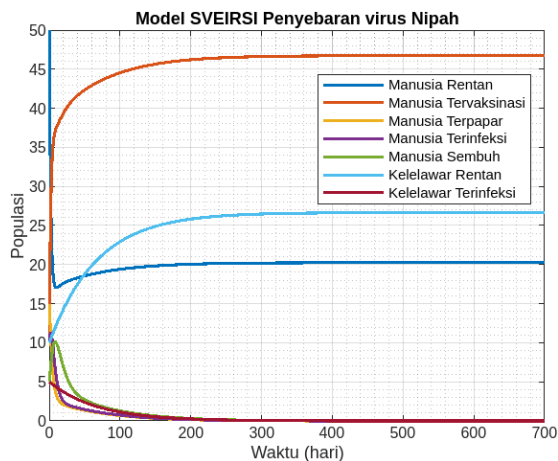
Tabel 2. Nilai Parameter dan Sumber

Parameter	Nilai Parameter	Referensi
λ_H	6,7	(Barua & Dénes, 2023)

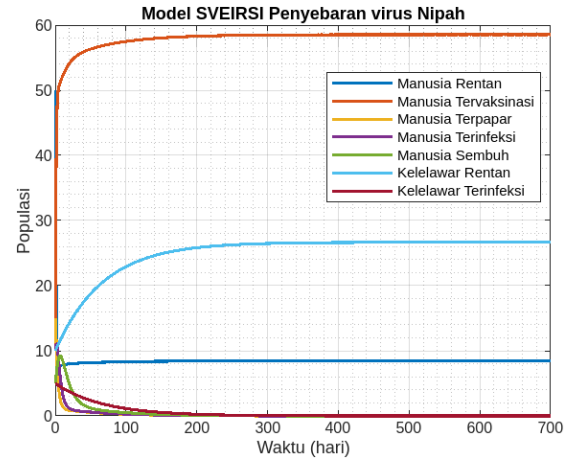
Parameter	Nilai Parameter	Referensi
λ_B	0,4	(Barua & Dénes, 2023)
μ_H	0,1	(Shah et al., 2018)
μ_B	0,015	Asumsi
ε_H	0,03	(Luke et al., 2023)
β_1	0,003	Asumsi
β_2	0,01	Asumsi
δ_H	0,3	(Shah et al., 2018)
γ_H	0,15	(Luke et al., 2023)
α_H	0,04	(Barua & Dénes, 2023)

1. Simulasi Numerik Kondisi Bebas Penyakit

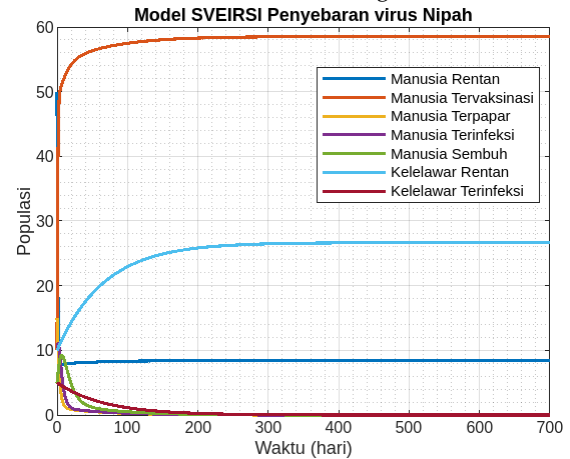
Pada kondisi bebas penyakit dipilih $\beta_3 = 0,00001$ yang memenuhi syarat kestabilan bebas penyakit yaitu $\beta_3 < 0,0005$ sehingga diperoleh $R_0 = 0.017$. Selanjutnya, dilakukan variasi nilai parameter laju vaksinasi pada manusia $\omega_H = 0,3; 0,6; \text{ dan } 0,9$ untuk mengamati pengaruh vaksinasi pada manusia terhadap masing-masing kompartemen dalam model.



Gambar 2. Grafik simulasi dengan $\omega_H = 0,3$



Gambar 3. Grafik simulasi dengan $\omega_H = 0,6$

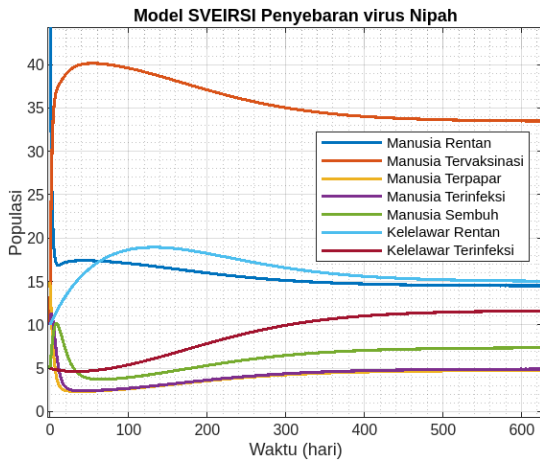
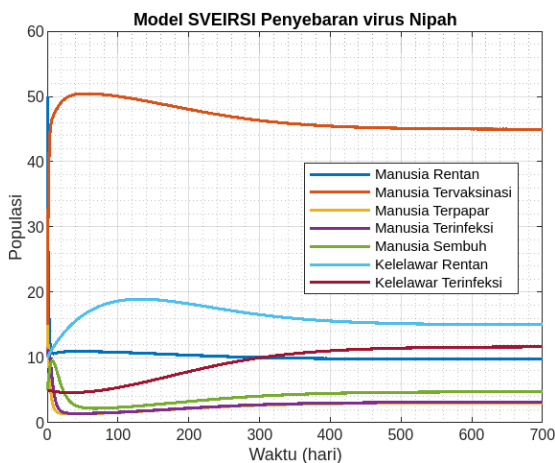
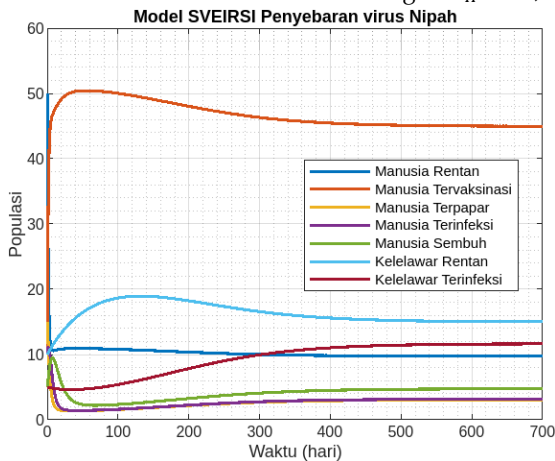


Gambar 4. Grafik simulasi dengan $\omega_H = 0,9$

Hasil simulasi menunjukkan bahwa peningkatan laju vaksinasi manusia (ω_H) berdampak pada penurunan dan mempercepat mencapai titik kesetimbangan pada subpopulasi manusia rentan (S_H) serta peningkatan subpopulasi tervaksinasi (V_H). Subpopulasi manusia terpapar (E_H), terinfeksi (I_H), dan sembuh (R_H) menunjukkan tren penurunan menuju 0 yang semakin cepat seiring dengan bertambahnya ω_H . Hal ini mengindikasikan bahwa vaksinasi mampu mempercepat pemusnahan infeksi secara keseluruhan. Subpopulasi kelelawar rentan (S_B) dan terinfeksi (I_B) tidak mengalami perubahan signifikan pada nilai kesetimbangan maupun waktu pencapaiannya untuk setiap variasi ω_H , menunjukkan bahwa vaksinasi manusia tidak memengaruhi dinamika kelelawar dalam kondisi ini.

2. Simulasi Numerik Kondisi Endemik

Pada kondisi endemik dipilih $\beta_3 = 0,001$ yang memenuhi syarat kestabilan kondisi endemik yaitu $\beta_3 > 0,0005$ sehingga diperoleh $R_0 = 1,778$

Gambar 5. Grafik simulasi dengan $\omega_H = 0,3$ Gambar 6. Grafik simulasi dengan $\omega_H = 0,6$ Gambar 7. Grafik simulasi dengan $\omega_H = 0,9$

Peningkatan ω_H menurunkan jumlah manusia rentan, terpapar, terinfeksi, dan sembuh serta meningkatkan jumlah manusia tervaksinasi. Ini menegaskan peran penting vaksinasi dalam mengurangi infeksi, meskipun infeksi tetap bertahan karena $R_0 > 1$. Sementara itu, subpopulasi kelelawar rentan dan terinfeksi mencapai titik kesetimbangan yang sama dalam waktu yang sama di seluruh variasi ω_H .

PENUTUP

KESIMPULAN

Berdasarkan pembahasan dapat disimpulkan bahwa

1. Konstruksi model matematika pada penyebaran virus Nipah pada manusia dan kelelawar dengan adanya vaksinasi didapat sebagai berikut :

$$\frac{dS_H}{dt} = \Lambda_H + \varepsilon_H V_H - \beta_1 S_H I_H - \beta_2 S_H I_B - \omega_H S_H - \mu_H S_H,$$

$$\frac{dV_H}{dt} = \omega_H S_H - \varepsilon_H V_H - \mu_H V_H,$$

$$\frac{dE_H}{dt} = \beta_1 S_H I_H + \beta_2 S_H I_B - \delta_H E_H - \mu_H E_H,$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \delta_H E_H - \gamma_H I_H - \alpha_H I_H - \mu_H I_H,$$

$$\frac{dR_H}{dt} = \gamma_H I_H - \mu_H R_H,$$

$$\frac{dS_B}{dt} = \Lambda_B - \beta_3 S_B I_B - \mu_B S_B,$$

$$\frac{dI_B}{dt} = \beta_3 S_B I_B - \mu_B I_B.$$

2. Dari model sistem persamaan didapatkan dua titik kesetimbangan yaitu, titik kesetimbangan bebas penyakit

$$T_0 = \left(\frac{\Lambda_H(\varepsilon_H + \mu_H)}{\mu_H(\omega_H + \varepsilon_H + \mu_H)}, \frac{\omega_H \Lambda_H}{\mu_H(\omega_H + \varepsilon_H + \mu_H)}, 0, 0, 0, \frac{\Lambda_B}{\mu_B}, 0 \right).$$

Titik kesetimbangan endemik

$$T_1 = (S_H^*, V_H^*, E_H^*, I_H^*, R_H^*, S_B^*, I_B^*).$$

Syarat kestabilan agar titik kesetimbangan bebas

penyakit stabil adalah $\beta_3 < \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$ sedangkan titik

kesetimbangan endemik stabil ketika memenuhi syarat kestabilan yaitu $\beta_3 > \frac{\mu_B^2}{\Lambda_B}$. Didapatkan

bilangan reproduksi (R_0) yaitu $R_0 = \frac{\beta_3 \Lambda_B}{\mu_B^2}$.

3. Pada kondisi bebas penyakit, peningkatan laju vaksinasi (ω_H) menurunkan jumlah manusia rentan, meningkatkan jumlah tervaksinasi, serta mempercepat penurunan populasi terpapar, terinfeksi, dan sembuh menuju nol. Artinya, vaksinasi membantu memutus rantai penularan dan mempercepat kondisi bebas penyakit. Sementara itu, populasi kelelawar rentan dan terinfeksi menunjukkan hasil yang sama untuk semua variasi ω_H . Pada kondisi endemik, peningkatan nilai ω_H menunjukkan penurunan dan mempercepat pencapaian titik kesetimbangan pada subpopulasi S_H, E_H, I_H , dan R_H , serta peningkatan subpopulasi V_H . Sama seperti pada kondisi bebas penyakit, dinamika subpopulasi kelelawar rentan (S_B) dan terinfeksi

(I_B) tetap konsisten dan tidak terpengaruh oleh variasi ω_H .

SARAN

Penelitian ini hanya membahas penyebaran virus Nipah menggunakan model SVEIR-SI, yaitu subpopulasi SVEIR untuk manusia dan SI untuk kelelawar, dengan mempertimbangkan pengaruh vaksinasi pada manusia. Analisis kestabilan yang dilakukan terbatas pada titik kesetimbangan bebas penyakit menggunakan pendekatan matriks Jacobian, padahal, masih terdapat dua titik kesetimbangan lain yang belum dianalisis secara menyeluruh, yaitu ketika populasi kelelawar terinfeksi (I_B) = 0 dan manusia terinfeksi (I_H) $\neq$ 0, serta ketika baik $I_H \neq 0$ maupun $I_B \neq 0$. Untuk itu, diharapkan penelitian selanjutnya dapat memperluas cakupan analisis kestabilan pada seluruh titik kesetimbangan, sehingga dinamika sistem dapat dikaji secara lebih komprehensif. Penelitian lanjutan juga dapat mempertimbangkan penambahan subpopulasi atau asumsi lain, seperti faktor lingkungan, interaksi dengan spesies lain, serta intervensi seperti perawatan dan karantina dapat memberikan gambaran yang lebih realistis dan aplikatif dalam pengendalian virus Nipah.

DAFTAR PUSTAKA

- Anton, H., & Rorres, C. (2013). *Elementary Linear Algebra*. John Wiley & Sons Incorporated.
- Barua, S., & Dénes, A. (2023). Heliyon Global dynamics of a compartmental model for the spread of Nipah virus. *Heliyon*, 9(9), e19682. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e19682>
- Bastin, G. (2018). *Lectures on Mathematical Modelling of Biological Systems*.
- Boyce, W. E., DiPrima, R. C., & Meade, D. B. (2017). *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*. Wiley.
- Chan, X. H. S., Haeusler, I. L., Choy, B. J. K., Hassan, Z., Takata, J., Hurst, T. P., Jones, L. M., Loganathan, S., Harriss, E., Dunning, J., Tarning, J., Carroll, M. W., Horby, P. W., & Olliaro, P. L. (2024). Review Therapeutics for Nipah virus disease : a systematic review to support prioritisation of drug candidates for clinical trials. 1-12. <https://doi.org/10.1016/j.lanmic.2024.101002>
- Ching, P. K. G., Reyes, V. C. D. L., Sucaldito, M. N., Tayag, E., Columna-vingno, A. B., Jr, F. F. M., Jr, G. C. B., Sejvar, J. J., Eagles, D., Playford, G., Dueger, E., Kaku, Y., Morikawa, S., Kuroda, M., Marsh, G. A., McCullough, S., & Foxwell, A. R. (2015). *Outbreak of Henipavirus Infection, Philippines, 2014*. 21(2), 328-331.
- Chua, K. B. (2003). Nipah virus outbreak in Malaysia. *Journal of Clinical Virology*, 26(3), 265-275. [https://doi.org/10.1016/S1386-6532\(02\)00268-8](https://doi.org/10.1016/S1386-6532(02)00268-8)
- Driessche, P. Van Den, & Watmough, J. (2002). *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission*. 180, 29-48.
- Garbuglia, A. R., Lapa, D., Pauciullo, S., Raoul, H., & Pannetier, D. (2023). *Nipah Virus : An Overview of the Current Status of Diagnostics and Their Role in Preparedness in Endemic Countries*. 1-16.
- Geevarghese, A. V., & Christi, V. E. I. (2023). Recent advances in vaccines and therapeutics for Nipah virus. 1(1), 3-11. <https://doi.org/10.25259/GJHSR>
- Khan, S., Akbar, S. M. F., Mahtab, M. Al, Uddin, M. N., Rashid, M. M., Yahiro, T., Hashimoto, T., Kimitsuki, K., & Nishizono, A. (2024). Twenty-five years of Nipah outbreaks in Southeast Asia: A persistent threat to global health. *IJID Regions*, 13(August), 100434. <https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2024.100434>
- Kumar, R., Dhama, K., Chakraborty, S., Tiwari, R., & Natesan, S. (2019). Nipah virus : epidemiology , pathology , immunobiology and advances in diagnosis , vaccine designing and control strategies – a comprehensive review. *Veterinary Quarterly*, 39(1), 26-55. <https://doi.org/10.1080/01652176.2019.1580827>
- Letko, M., Seifert, S. N., Olival, K. J., Plowright, R. K., & Munster, V. J. (2020). Bat-borne virus diversity , spillover and emergence. *Nature Reviews Microbiology*, 18(August). <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0394-z>
- Luke, A., Okeke, R., Igwe, S., Abang, S., Atokolo, W., & Ojoma, Q. (2023). The dynamics of Nipah virus (NiV) transmission and analysis. *Journal of Mathematics and Computer Science*, 31, 367-391. <https://doi.org/10.22436/jmcs.031.04.03>
- Moore, K. A., Mehr, A. J., Ostrowsky, J. T., Ulrich, A. K., Moua, N. M., Fay, P. C., Hart, P. J., Golding, J. P., Benassi, V., Preziosi, M.-P., Broder, C. C., Wit, E. de, Formenty, P. B. H., Freiberg, A. N., Gurle, E. S., Halpin, K., Luby, S. P., Mazzola, L. T., Montgomery, J. M., ... Osterholm, M. T. (2024). Measures to prevent and treat Nipah virus disease: research priorities for 2024-29. *The Lancet Infectious Diseases*, 24(11), e707-e717. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00262-](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00262-)

7.

- Oxford Vaccine Group. (2024). *First in-human vaccine trial for Nipah virus*.
<https://www.ovg.ox.ac.uk/news/first-in-human-vaccine-trial-for-nipah-virus>
- Rampengan, N. H. (2016). Virus Nipah. *Jurnal Biomedik (Jbm)*, 8(2).
<https://doi.org/10.35790/jbm.8.2.2016.12665>
- Shah, N. H., Suthar, A. H., Thakkar, F. A., & Satia, M. H. (2018). *Sei -Model For Transmission Of Nipah Virus*. 8(6), 714–730.
<https://doi.org/10.28919/jmcs/3909>
- Shapshak, P., Sinnott, J. T., Somboonwit, C., & Kuhn, J. H. (2015). Global virology I-identifying and investigating viral diseases. *Global Virology I-Identifying and Investigating Viral Diseases, October*, 1–813. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2410-3>
- Shariff, M. (2019). *Nipah virus infection : A review*. 1–6.
<https://doi.org/10.1017/S0950268819000086>
- Sinaga, L. P., Kartika, D., & Nasution, H. (2021). *Pengantar Sistem Dinamik* (T. Trisnawati (ed.)). Amal Insani.
<https://books.google.co.id/books?id=N0NTEAAAQBAJ&printsec=frontcover#v=onepage&q&f=false>
- Sumardi, siti rosnafi'an. (2022). *Pengantar Sistem Dinamik*. <https://fliphtml5.com/petck/aqkj>
- WHO. (2018). *Nipah Virus*.
<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/nipah-virus>
- WHO. (2024). *Technical Brief: Enhancing readiness for a Nipah virus event in countries not reporting a Nipah virus event*. May 2018.