

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Virus *Avian Influenza* disebut juga *Fowl Plaque Virus* (FPV) yang termasuk dalam golongan virus influenza tipe A, famili *Orthomyxoviridae*, genus *Influenza virus* (Root dan Klenk, 1985; Malole, 1988). Virus influenza tipe A secara natural dapat menginfeksi unggas dan manusia (Khawaja dkk, 2005). Semua sub tipe HA dan NA ditemukan pada unggas air, hanya tiga sub tipe HA (H1–H3) dan dua sub tipe NA (N1–N2) yang ditemukan pada manusia (Hoffman dkk, 2001). Sub tipe H5 dan H7 yang sangat virulen pada unggas (Lee dkk, 2001; Khawaja dkk, 2005), dilaporkan berpotensi sebagai penyebab pandemi (Russell dan Webster, 2005).

Pada tahun 1997 *avian influenza* H5N1 pertama kali menyerang dan menewaskan 6 orang dari 18 orang penduduk yang terinfeksi di Hongkong. Pada saat ini, masalah penting yang dikhawatirkan para ahli adalah kemungkinan munculnya sub tipe baru virus influenza yang mampu menular antar manusia. Hal ini dapat terjadi sehubungan dengan adanya virus sub tipe baru yang mungkin terbentuk akibat mutasi atau reassortasi (*reassortment*) virus *avian influenza* asal unggas dan virus *human influenza* (Horimoto dan Kawaoka, 2001).

Beberapa penelitian telah dilakukan untuk mengetahui resiko terinfeksi H5N1, seperti penelitian bagi para pekerja atau peternak unggas (Bridges dkk, 2002), penelitian tentang resiko tenaga kesehatan yang menangani pasien *avian influenza* A (Schults dkk, 2005), dan juga penelitian tentang kemungkinan transmisi virus H5N1 pada binatang lainnya. Hasil penelitian di atas menunjukkan bahwa jarang ditemukan transmisi dari manusia ke manusia, namun beberapa kejadian ditemukan kematian pasien yang berkerabat dekat disebabkan oleh infeksi virus H5N1 (Hien dkk, 2004).

Ada dua kemungkinan muncul sub tipe baru dari H5N1 yang dapat menular antara manusia ke manusia. Pertama, virus menginfeksi manusia dan mengalami mutasi yang mengakibatkan virus beradaptasi mengenali linkage RNA pada

manusia. Kedua, virus burung mendapatkan gen dari virus influenza manusia, sehingga dapat bereplikasi secara efektif di dalam sel manusia. Subtipe baru virus H5N1 ini bermutasi sedemikian rupa untuk membuat protein tertentu yang dapat mengenali reseptor pada tubuh manusia. Virus *avian influenza* maupun *human influenza* dapat secara bersamaan menginfeksi manusia, sehingga terjadi “mix” atau rekombinasi genetik. Rekombinasi genetik tersebut menghasilkan *strain* virus baru yang sangat virulen bagi manusia (**Herman dan Storck, 2005**).

Dalam beberapa literatur telah dibahas model matematika yang berkaitan dengan penyebaran virus *avian influenza*. **Hancioglu dkk (2007)** salah satu yang mengembangkan model matematika virus *avian influenza*. Model matematika tersebut menjelaskan tentang respon imun terhadap infeksi virus yang berfokus pada pengendalian infeksi oleh imunitas bawaan dan adaptif. Lain halnya dengan **Liu dkk (2015)** yang mengembangkan model matematika virus *avian influenza* dengan memperhatikan efek psikologi terhadap unggas influenza pada populasi manusia. Selanjutnya **Lee dan Lao (2018)** mengembangkan model matematika dalam menekan penyebaran virus *avian influenza* melalui kontrol non-medis seperti perlindungan pribadi, isolasi unggas dan vaksin unggas.

Modifikasi terhadap model matematika *avian influenza* terus dikembangkan. **Ackerman dkk (2019)** mengembangkan model matematika virus *avian influenza* dengan kemampuan memprediksi perbedaan *strain* dalam membantu pemahaman klinis. Model matematika yang dikembangkan **Ackerman dkk (2019)** membantu pemahaman klinis dalam memprediksi tingkat keparahan infeksi serta pengobatan yang sesuai. Pada tahun yang sama, **Chen dkk (2019)** memformulasikan model matematika penyebaran virus *avian influenza* melalui unggas dan virus yang bermutasi melalui populasi manusia sehat tetapi rentan serta populasi manusia terinfeksi. Berdasarkan pemaparan sebelumnya, penulis tertarik untuk mengkaji dan memodifikasi model pada jurnal berjudul “*Modelling the outbreak of infectious disease following mutation from a non-transmissible strain*” yang ditulis **Chen dkk (2019)** tersebut.

Model matematika yang dikembangkan oleh **Chen dkk (2019)** akan dimodifikasi dengan mengubah bentuk *incidence rate*. Bentuk laju pada model yang semula *standard rate* diubah menjadi *saturated incidence rate* pada populasi manusia sehat yang rentan terinfeksi virus *avian influenza* dari unggas. Pada populasi manusia sehat yang rentan terinfeksi virus *avian influenza* mutan, bentuk laju *standard rate* diubah menjadi *bilinear incidence rate*. Model matematika yang dikembangkan oleh **Chen dkk (2019)** juga ditambahkan laju rekrutmen, laju kematian alami, dan laju kematian karena terinfeksi virus.

Modifikasi bentuk *incidence rate* menjadi *saturated incidence rate* didasari pada jumlah penyebaran penyakit *avian influenza* dari unggas yang tinggi. Modifikasi bentuk *incidence rate* menjadi *bilinear incidence rate* didasari pada proses penginfeksian dalam bentuk sederhana yang membutuhkan waktu cukup lama dalam penyebaran penyakit *avian influenza* mutan. Meskipun demikian, fenomena tersebut meningkatkan kesadaran sebagian publik terutama individu yang sering kontak langsung dengan unggas untuk menghindari terinfeksi virus *avian influenza*.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah yang akan dibahas dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Bagaimana analisis kestabilan titik setimbang pada model matematika penyebaran penyakit virus *avian influenza* dengan mutasi *strain*?
2. Bagaimana hasil interpretasi dari simulasi numerik model matematika penyebaran penyakit virus *avian influenza* dengan mutasi *strain*?

1.3 Tujuan Penelitian

Adapun tujuan dalam penelitian ini sebagai berikut:

1. Menganalisis kestabilan titik setimbang pada model matematika penyebaran penyakit virus *avian influenza* dengan mutasi *strain*.
2. Mengetahui hasil interpretasi dari simulasi numerik model matematika penyebaran penyakit virus *avian influenza* dengan mutasi *strain*.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat yang diharapkan dalam penelitian ini adalah:

1. Mengembangkan ilmu dalam bidang pemodelan matematika pada penyakit menular.
2. Menambah khazanah pemodelan matematika yang didapat dari pembedahan jurnal.
3. Menjadi referensi baru dalam bidang pemodelan matematika mengenai model matematika penyebaran penyakit virus *avian influenza* dengan mutasi *strain*.

1.5 Batasan Masalah

Model matematika penyebaran penyakit virus *avian influenza* dengan mutasi *strain* yang digunakan dalam penelitian ini merujuk pada jurnal yang ditulis oleh **Chen dkk (2019)**.