

STABILITY ANALYSIS AND TRAVELING WAVE SOLUTIONS OF THE DYNAMIC MODEL OF BIRD FLU TRANSMISSION IN POULTRY–HUMAN INTERACTION

RAHMA DILLA, ARRIVAL RINCE PUTRI*, NOVERINA ALFIANY,
MAHDHIVAN SYAFWAN

*Departemen Matematika dan Sains Data,
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Andalas,
Kampus UNAND Limau Manis Padang, Indonesia
email : arrival@sci.unand.ac.id*

Diajukan 25 Oktober 2024 Direvisi 17 Oktober 2025 Diterima 18 Oktober 2025
Diterbitkan 31 Oktober 2025

Abstrak. Penelitian ini mengembangkan suatu model matematika yang menggambarkan dinamika penyebaran spasial flu burung melalui interaksi antara populasi unggas dan manusia. Model dibangun berdasarkan model SI (*Susceptible-Infected*), dengan menambahkan kompartemen manusia sembuh serta suku difusi pada populasi unggas untuk merepresentasikan pergerakan spasial virus. Analisis kualitatif dilakukan untuk mengkaji kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik. Selain itu, eksistensi solusi gelombang berjalan dalam populasi unggas juga dianalisis. Hasil analitik menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal, di mana populasi terinfeksi menurun hingga nol seiring waktu. Sebaliknya, pada kondisi endemik, infeksi bertahan pada tingkat kesetimbangan rendah. Simulasi numerik dilakukan untuk memverifikasi hasil analitik dan menunjukkan bahwa infeksi menyebar secara spasial dari lokasi awal wabah, membentuk gelombang berjalan yang bergerak ke arah positif domain spasial. Proporsi unggas yang terinfeksi menurun secara bertahap seiring bertambahnya jarak dari sumber infeksi.

Kata Kunci: Flu burung, titik ekuilibrium, analisis kestabilan, solusi gelombang berjalan, simulasi numerik.

Abstract. *This study develops a mathematical model that describes the spatial dynamics of avian influenza transmission through interactions between poultry and human populations. The model is based on the Susceptible-Infected (SI) framework, extended by adding a recovered human compartment and a diffusion term in the poultry population to represent the spatial movement of the virus. A qualitative analysis is carried out to examine the stability of the disease-free and endemic equilibrium points. In addition, the existence of traveling wave solutions in the poultry population is also analyzed. Analytical results show that the disease-free equilibrium is locally asymptotically stable, with the infected population gradually declining to zero*

*penulis korespondensi

over time. Conversely, under endemic conditions, the infection persists at a low equilibrium level. Numerical simulations are conducted to verify the analytical results and demonstrate that the infection spreads spatially from the initial outbreak location, forming a traveling wave that propagates in the positive direction of the spatial domain. The proportion of infected poultry gradually decreases with increasing distance from the infection source.

Keywords: Bird flu, equilibrium points, analysis stability, traveling wave solution, numerical simulation.

1. Pendahuluan

Avian influenza (flu burung) merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus influenza tipe A, yang pertama kali ditemukan di Italia pada tahun 1887 [1]. Awalnya terbatas pada unggas, virus ini kemudian bermutasi dan mampu menular ke manusia [2]. Salah satu varian paling patogenik adalah H5N1, yang ditemukan di Hong Kong pada tahun 1997. Di Indonesia, varian ini telah menyebabkan infeksi serius dengan angka kematian mencapai 83,3 %, sehingga berpotensi menimbulkan pandemi global [3,4]. Upaya pengendalian penyakit ini membutuhkan pemahaman yang baik terhadap dinamika penyebarannya. Model matematika dapat digunakan untuk memprediksi penyebaran penyakit ini sekaligus mengevaluasi strategi mitigasi.

Sebagian besar penelitian sebelumnya berfokus pada aspek temporal penyebaran flu burung, yaitu bagaimana penyakit menyebar seiring waktu dalam suatu populasi [5,6,7,8]. Namun, aspek spasial penyebaran virus, yang krusial dalam konteks pergerakan antarwilayah, masih relatif kurang mendapat perhatian. Penyebaran virus dapat dianalogikan dengan gelombang yang merambat melalui populasi, di mana wabah awal dapat dianggap sebagai sumber gelombang. Oleh karena itu, diperlukan pengembangan model matematika yang mempertimbangkan dinamika spasial. Pendekatan ini dapat dilakukan dengan menambahkan suku difusi ke dalam model, sehingga memungkinkan representasi pergerakan virus dari satu lokasi ke lokasi lain secara lebih realistis.

Beberapa penelitian yang mengkaji model difusi penyebaran penyakit ada dalam [9,10]. Penelitian [9] mengeksplorasi tentang kondisi eksistensi solusi gelombang berjalan untuk suatu model diskrit epidemi. Penelitian [10] membahas model SEIR difusi reaksi, yang mencakup perlindungan diri bagi individu yang rentan, pengobatan bagi individu yang menularkan penyakit, dan rekrutmen terus-menerus. Sementara itu, beberapa penelitian yang telah dilakukan tentang penyebaran flu burung mempertimbangkan aspek spasial, diantaranya, Pudjaprasetya dan Gunawan [11] membahas mengenai perilaku pulse berjalan dari penyebaran flu burung di antara kawanan unggas dan manusia menggunakan metode MacCormack. Putri dan Husna [12] membahas tentang solusi gelombang berjalan dari model difusi spasial flu burung. Solusi gelombang berjalan dibahas untuk memahami bagaimana penyebaran flu burung yang terjadi dalam sistem unggas. Solusi ini memberikan pemahaman tentang bagaimana flu burung dapat menyebar melalui populasi unggas dan mempengaruhi tingkat infeksi. Model rentan dan terinfeksi yang menginterpretasikan penularan flu burung pada sistem

unggas diselesaikan secara analitik dan numerik. Penelitian selanjutnya dilakukan oleh Tadmon et al. [13] yang menganalisa model epidemi flu burung dan manusia dengan difusi dengan menggunakan metode linierisasi dan analisis spektral.

Dalam penelitian ini, dikembangkan model matematika penyebaran flu burung pada interaksi unggas dan manusia, merujuk pada model yang telah dikaji oleh [12], dengan penambahan kompartemen manusia sembuh serta suku difusi pada populasi unggas. Penambahan suku difusi pada model penyebaran virus flu burung dilakukan karena dua hal. Pertama, secara matematis persamaan yang dihasilkan lebih kompleks dibandingkan model *SI* biasa dan akan mengakibatkan hasil analisis yang berbeda. Kedua, dalam konteks model epidemiologi seperti penyebaran virus flu burung, virus dapat berpindah dari satu lokasi ke lokasi lain seiring berjalannya waktu. Oleh karena itu, menambahkan suku difusi pada model dapat menganalisa penyebaran spasial dan temporal flu burung pada populasi unggas. Analisis difokuskan pada kestabilan titik kesetimbangan dan eksistensi solusi gelombang berjalan untuk memahami dinamika penyebaran virus secara spasial, baik melalui pendekatan analitik maupun numerik.

2. Landasan Teori

2.1. Penyebaran Virus Flu Burung

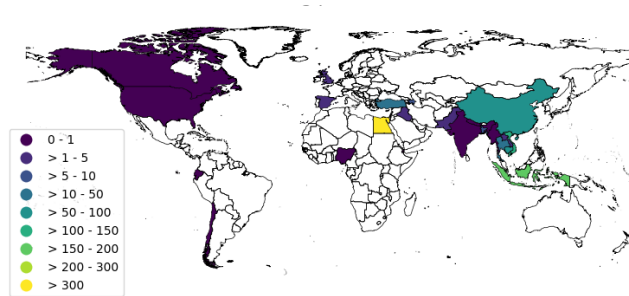
Flu burung atau avian influenza merupakan suatu penyakit yang dapat menular pada unggas dan berpotensi untuk menular ke manusia (zoonosis), disebabkan oleh virus influenza tipe A. Virus influenza merupakan organisme canggih dengan genom yang sangat mutagenik dan keragaman antigenik yang luas [5]. Virus influenza ini terus bermutasi dan menghasilkan varian baru. Pada tahun 1997 muncul varian H5N1 yang sangat patogenik di Hong Kong. Varian ini termasuk dalam famili Orthomyxoviridae. Virus Influenza varian H5N1 juga mampu bereplikasi di berbagai sel, sehingga dapat menyebabkan penyakit yang parah seperti pneumonia dan mempengaruhi banyak organ dan jaringan di dalam tubuh manusia.

Gambar 1 dan Gambar 2 merupakan visualisasi dari data total penyebaran dan kasus kematian pada manusia akibat flu burung menggunakan bahasa pemrograman Python [3].

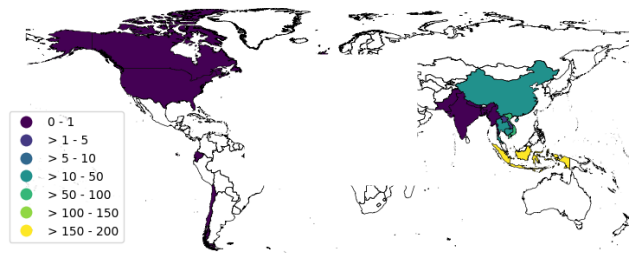
2.2. Kestabilan Titik Ekuilibrium Dan Bilangan Reproduksi Dasar

Terdapat dua jenis titik ekuilibrium yang akan dibahas, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit (*disease-free equilibrium point*), yang menunjukkan bahwa penyebaran flu burung dapat dikendalikan dalam kondisi tertentu, dan titik ekuilibrium endemik (*endemic equilibrium point*), yang menunjukkan bahwa virus flu burung tetap eksis dalam populasi. Bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah salah satu konsep paling penting dalam epidemiologi penyakit menular. Bilangan reproduksi dasar ini menggambarkan rata-rata jumlah individu yang terinfeksi oleh satu individu yang terinfeksi dalam populasi yang sepenuhnya rentan.

Hubungan kestabilan dengan R_0 adalah sebagai berikut [14,15]:



Gambar. 1: Peta Kasus Sebaran Flu Burung pada Manusia tahun 2003-2024



Gambar. 2: Peta Kematian Manusia Karena Virus Flu Burung pada Tahun 2003-2024

- (1) Jika $R_0 > 1$, maka penyakit menyebar dalam populasi, titik ekuilibrium bebas penyakit tidak stabil, sedangkan titik ekuilibrium endemik stabil.
- (2) Jika $R_0 = 1$, maka penyakit akan tetap ada, tetapi terjadi kondisi batas (*threshold*), dan muncul bifurkasi yang menentukan apakah penyakit akan bertahan atau hilang.
- (3) Jika $R_0 < 1$, maka penyakit tidak menyebar luas, titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik, yang artinya penyakit akan menghilang.

3. Pembahasan

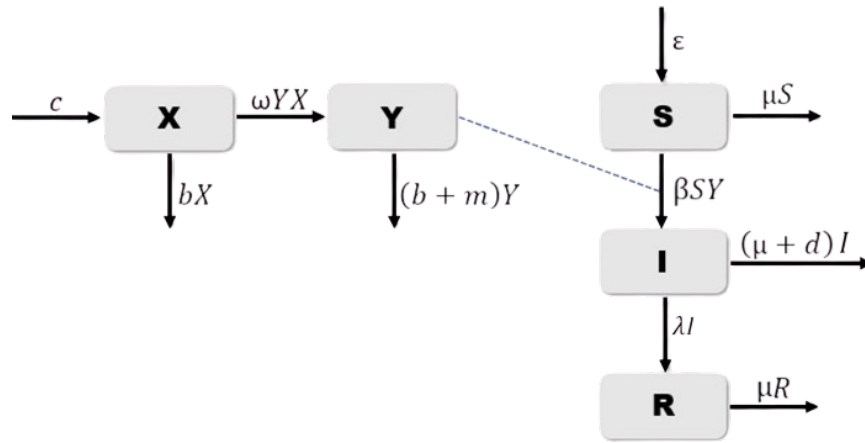
3.1. Model Penyebaran Flu Burung Pada Interaksi Unggas-Manusia

Populasi dalam model matematika penyebaran flu burung dibagi menjadi lima subpopulasi, yaitu X merupakan subpopulasi unggas yang rentan terhadap flu burung atau unggas sehat yang bisa terinfeksi, Y merupakan subpopulasi unggas yang terinfeksi dan bisa menularkan flu burung, S merupakan subpopulasi manusia yang rentan terhadap flu burung, I merupakan subpopulasi manusia yang terinfeksi burung, dan R merupakan subpopulasi manusia yang sembuh dari

penyakit flu burung. Model matematika diformulasikan berdasarkan asumsi berikut:

- Semua unggas yang terinfeksi tidak akan pernah sembuh dan akan tetap terinfeksi hingga mati.
- Manusia yang terinfeksi tidak menularkan virus flu burung kepada manusia lain yang rentan.
- Manusia yang terinfeksi dapat sembuh.

Diagram alir dari penyebaran flu burung berdasarkan asumsi di atas dapat dilihat pada Gambar 3 berikut.



Gambar. 3: Diagram Alir Penyebaran Virus Flu Burung

Selanjutnya, model matematika penyebaran flu burung pada interaksi unggas-manusia dinyatakan dalam sistem persamaan diferensial biasa berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dX}{dt} &= c - bX - \omega XY, \\
 \frac{dY}{dt} &= \omega XY - (b + m)Y, \\
 \frac{dS}{dt} &= \epsilon - \mu S - \beta SY, \\
 \frac{dI}{dt} &= \beta SY - (\mu + d + \lambda)I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \lambda I - \mu R,
 \end{aligned} \tag{3.1}$$

dimana parameter $c, b, \omega, m, \epsilon, \mu, \beta, d, \lambda$ adalah konstanta positif. Deskripsi untuk setiap parameter pada model (3.1) dijelaskan dalam Tabel 1.

Tabel 1: Deskripsi Parameter pada Model Penyebaran Virus Flu Burung

Parameter	Deskripsi
c	Laju kelahiran unggas baru
b	Laju kematian alami unggas yang rentan dan terinfeksi
m	Laju kematian unggas karena terinfeksi flu burung
ω	Laju kontak antara unggas yang rentan dan terinfeksi
ϵ	Laju kelahiran manusia
μ	Laju kematian alami manusia yang rentan dan terinfeksi
d	Laju kematian manusia karena terinfeksi flu burung
β	Laju interaksi antara manusia yang rentan dan unggas terinfeksi
λ	Laju pemulihan manusia yang terinfeksi

3.2. Analisis Kestabilan

Berdasarkan model penyebaran flu burung pada sistem (3.1), diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit:

$$E^0 = (X^0, Y^0, S^0, I^0, R^0) = \left(\frac{c}{b}, 0, \frac{\epsilon}{\mu}, 0, 0\right), \quad (3.2)$$

dan titik ekuilibrium endemik:

$$E^* = (X^*, Y^*, S^*, I^*, R^*), \quad (3.3)$$

dimana:

$$\begin{aligned} X^* &= \frac{b+m}{\omega}, \\ Y^* &= \frac{c}{b+m} - \frac{b}{\omega}, \\ S^* &= \frac{\epsilon\omega(b+m)}{\mu\omega(b+m) + \beta(c\omega - b^2 - bm)}, \\ I^* &= \frac{\beta\epsilon(c\omega - b^2 - bm)}{(\mu + d + \lambda)[\mu\omega(b+m) + \beta(c\omega - b^2 - bm)]}, \\ R^* &= \frac{\lambda\beta\epsilon(c\omega - b^2 - bm)}{\mu(\mu + d + \lambda)[\mu\omega(b+m) + \beta(c\omega - b^2 - bm)]}. \end{aligned}$$

Selanjutnya dianalisis kestabilan dari sistem interaksi unggas-manusia. Matriks Jacobian dari persamaan (3.1) adalah:

$$J = \begin{bmatrix} -b - \omega Y & -\omega X & 0 & 0 & 0 \\ \omega Y & \omega X - (b+m) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta S & -\mu - \beta Y & 0 & 0 \\ 0 & \beta S & \beta Y & -(\mu + d + \lambda) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda & -\mu \end{bmatrix}, \quad (3.4)$$

sehingga diperoleh nilai eigen dari matriks Jacobian di titik ekuilibrium bebas penyakit:

$$\alpha_1 = -b, \alpha_2 = \frac{\omega c}{b} - (b+m), \alpha_3 = -\mu, \alpha_4 = -(\mu + d + \lambda), \alpha_5 = -\mu, \quad (3.5)$$

dan nilai eigen dari matriks Jacobian di titik ekuilibrium endemik:

$$\alpha_1 = -\frac{\mu\omega(b+m) + \beta(\omega c - b^2 - bm)}{\omega(b+m)}, \quad (3.6)$$

$$\alpha_2 = -(\mu + d + \lambda), \quad (3.7)$$

$$\alpha_3 = -\mu, \quad (3.8)$$

$$\alpha_4 = \frac{-\omega c + \sqrt{\omega^2 c^2 - 4(b+m)(\omega c - b^2 - bm)}}{2(b+m)}, \quad (3.9)$$

$$\alpha_5 = \frac{-\omega c - \sqrt{\omega^2 c^2 - 4(b+m)(\omega c - b^2 - bm)}}{2(b+m)}. \quad (3.10)$$

Bilangan reproduksi dasar untuk sistem (3.1), yaitu:

$$R_0 = \frac{\omega\beta c\epsilon}{b\mu(b+m)(\mu + d + \lambda)}, \quad (3.11)$$

menggambarkan hubungan antara laju penyebaran dan laju pemulihan. Nilai R_0 akan meningkat jika tingkat kontak atau penularan dan infektivitas antara unggas dan manusia tinggi, serta menurun jika tingkat kematian dan pemulihan meningkat. Nilai $R_0 > 1$ menunjukkan flu burung dapat bertahan dan menjadi endemik pada sistem unggas-manusia, sedangkan $R_0 < 1$ menunjukkan flu burung akan menghilang dari populasi.

3.3. Model Difusi Pada Sistem Unggas

Suku difusi ditambahkan pada model interaksi antara unggas dengan unggas saja, sehingga sistem persamaan diferensial biasa (3.1) menjadi sistem persamaan diferensial parsial berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dX}{dt} &= c - bX - \omega XY + d_1 \frac{\partial^2 X}{\partial x^2}, \\ \frac{dY}{dt} &= \omega XY - (b+m)Y + d_1 \frac{\partial^2 Y}{\partial x^2}, \end{aligned} \quad (3.12)$$

dimana d_1 adalah konstanta difusi yang bernilai positif, menggambarkan laju penyebaran virus flu burung dari suatu lokasi ke lokasi lain. Solusi $X = X(x, t)$ dan $Y = Y(x, t)$ merupakan populasi unggas yang rentan dan unggas yang terinfeksi pada posisi x dan waktu t . Solusi tersebut didefinisikan pada bidang $\{(x, t) \mid 0 \leq x \leq l, t > 0\}$.

3.4. Simulasi Numerik

Penyebaran flu burung pada interaksi unggas dan manusia dianalisis secara numerik dengan menggunakan parameter tetap yang diberikan pada Tabel 2 dengan memilih nilai parameter ω dan β yang berbeda, yaitu $\omega = 2$ dan $\beta = 0.2$ di sekitar titik ekuilibrium bebas penyakit dan $\omega = 5$ dan $\beta = 1.3$ di sekitar titik ekuilibrium endemik. Selanjutnya diasumsikan nilai awal untuk setiap sub populasi adalah $X(0) = 0.9, Y(0) = 0.1, S(0) = 1, I(0) = 0, R(0) = 0$.

Tabel 2: Nilai Parameter Untuk Penyebaran Virus Flu Burung

Parameter	Nilai	Sumber
c	1	[12]
b	1	[12]
m	2	[12]
ϵ	0.01	[12]
μ	0.015	[12]
d	1	[12]
d_1	2	[12]
λ	0.09	asumsi

Grafik solusi dari Sistem (3.1) ditunjukkan pada Gambar 4 dan Gambar 5. Pada Gambar 4 ditunjukkan bahwa tidak terjadi penyebaran infeksi antara unggas dan manusia. Populasi unggas dan manusia yang rentan stabil menuju nilai konstan, sedangkan populasi unggas dan manusia yang terinfeksi serta populasi manusia yang sembuh menurun menuju nol. Hal ini mengindikasikan bahwa penyakit tidak menyebar dalam populasi ($R_0 = 0.08$).

Gambar 5 menggambarkan kondisi endemik, di mana penyakit tetap bertahan dalam populasi pada tingkat yang relatif rendah. Meskipun infeksi masih terjadi, sistem mencapai keadaan stabil di mana infeksi tidak sepenuhnya hilang namun juga tidak berkembang secara signifikan ($R_0 = 1.307$). Dapat diartikan bahwa flu burung tidak menyebar jika tingkat penularannya rendah, tetapi dapat bertahan dalam populasi unggas dan manusia ketika kondisi lingkungan mendukung transmisi virus.

Simulasi numerik solusi gelombang berjalan pada Persamaan (3.12) menunjukkan pergerakan virus flu burung antarunggas. Dalam hal ini X merepresentasikan perubahan populasi unggas rentan dan Y merepresentasikan perubahan populasi unggas terinfeksi terhadap waktu dan lokasi. Kedua fungsi $X = X(x, t)$ dan $Y = Y(x, t)$ didefinisikan pada bidang:

$$\{(x, t) \mid 0 \leq x \leq l, t > 0\},$$

untuk $t > 0$ dan $0 \leq x \leq l$ dengan kondisi awal $X(x, 0) = X_0(x)$, $Y(x, 0) = Y_0(x)$.

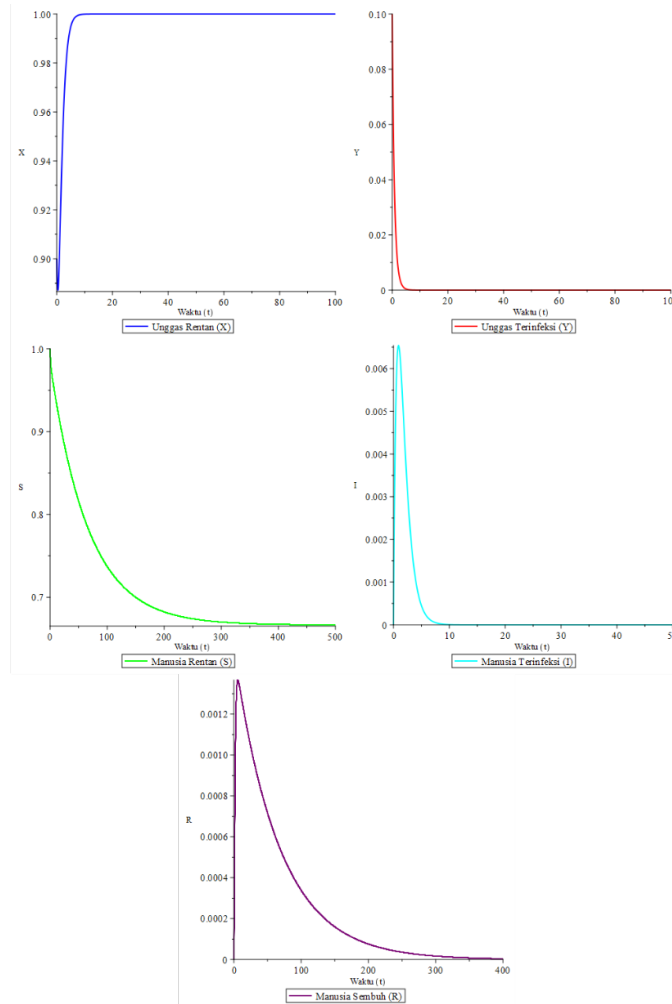
Kondisi awal yang digunakan adalah sebagai berikut:

$$X_0(x) = \begin{cases} 0.1(x+5) & ; 0 \leq x < 5 \\ 1 & ; 5 \leq x \leq l \end{cases} \quad (3.13)$$

$$Y_0(x) = \begin{cases} 0.1 \cdot (5-x) & ; 0 \leq x < 5 \\ 0 & ; 5 \leq x \leq l \end{cases} \quad (3.14)$$

Kondisi awal pada persamaan (3.13) dan persamaan (3.14) dapat diilustrasikan pada Gambar 6.

Kondisi batas yang digunakan pada simulasi numerik solusi gelombang berjalan



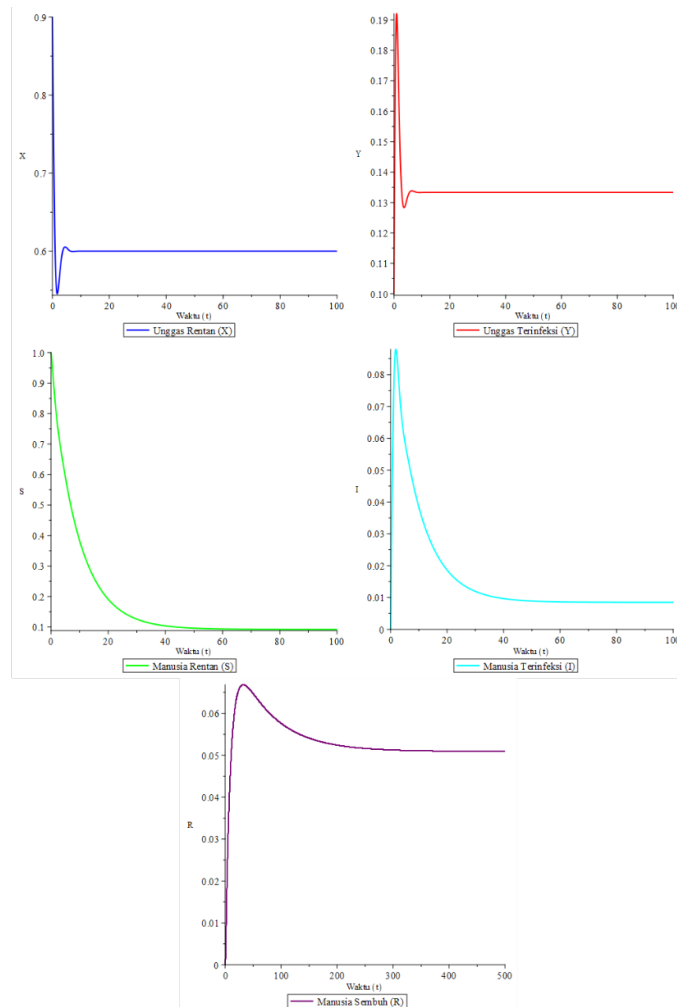
Gambar. 4: Grafik Solusi dari Sistem Interaksi Unggas-Manusia pada Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit ($\omega = 2$ dan $\beta = 0.2$)

yaitu kondisi batas Neumann homogen [12]:

$$\frac{\partial X}{\partial x} = \frac{\partial Y}{\partial x} = 0 \quad (3.15)$$

dengan batasan x yang digunakan adalah $x = 0$ dan $x = l$.

Selanjutnya diasumsikan nilai parameter $m = 0.5$ dan $d_1 = 5$. Gambar 7 menampilkan grafik solusi untuk parameter tersebut, sedangkan Gambar 8 menunjukkan profil transmisi penyebaran virus flu burung pada kondisi yang sama. Pada Gambar 8, kurva ungu menggambarkan proporsi unggas terinfeksi yang tinggi di sekitar $x = 0$. Seiring berjalannya waktu, puncak infeksi bergerak ke arah kanan, menunjukkan penyebaran virus ke wilayah yang lebih jauh. Kurva biru, hijau, dan kuning menunjukkan tahapan waktu yang berbeda, di mana

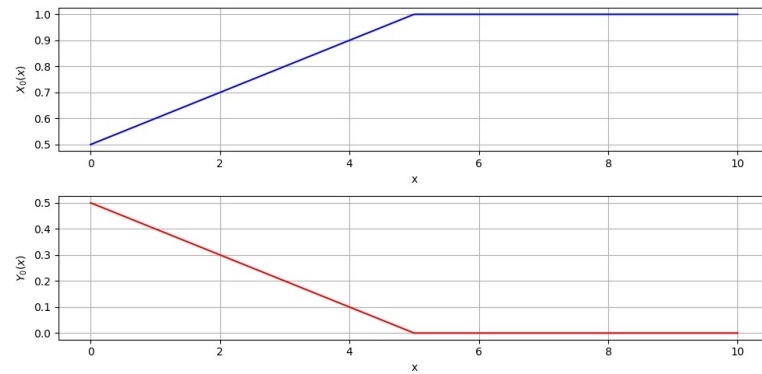


Gambar. 5: Grafik Solusi dari Sistem Interaksi Unggas-Manusia pada Titik Ekuilibrium Endemik ($\omega = 5$ dan $\beta = 1.2$)

gelombang infeksi bergerak ke kanan dan amplitudonya menurun seiring bertambahnya nilai x . Meskipun infeksi menyebar dengan cepat, proporsi unggas yang terinfeksi menurun seiring bertambahnya jarak dari sumber infeksi.

4. Kesimpulan

Model penyebaran virus flu burung pada sistem interaksi unggas-manusia memiliki dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Titik ekuilibrium bebas penyakit bersifat stabil asimtotik apabila bilangan reproduksi dasar $R_0 < 1$. Sebaliknya, titik ekuilibrium endemik bersifat stabil asimtotik apabila $R_0 > 1$. Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa pada kondisi bebas penyakit, infeksi tidak menyebar. Populasi unggas dan



Gambar. 6: Kondisi Awal Solusi Gelombang Berjalan

manusia yang rentan cenderung stabil pada nilai konstan, sedangkan populasi yang terinfeksi menurun menuju nol. Hal ini menunjukkan bahwa penyakit tidak bertahan dalam populasi. Sementara itu, pada kondisi endemik, meskipun penyakit tetap ada, tingkat infeksi relatif rendah. Sistem mencapai keadaan stabil di mana infeksi tidak sepenuhnya menghilang, tetapi juga tidak menyebar secara signifikan.

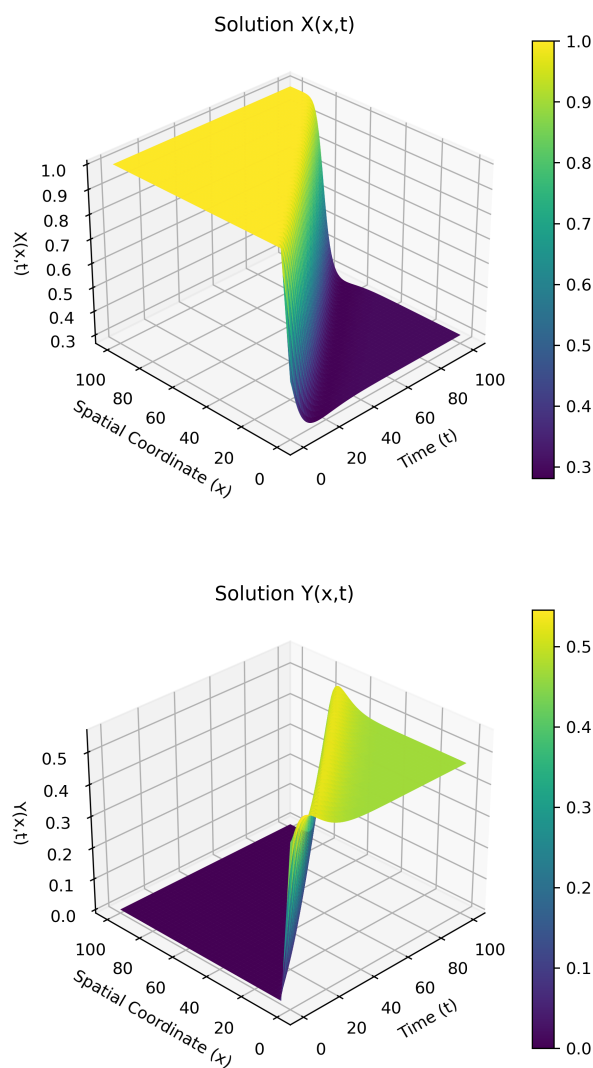
Model ini berkontribusi dengan menggabungkan dinamika penularan antarspesies dan aspek spasial melalui suku difusi, sehingga mampu menggambarkan penyebaran flu burung secara lebih realistis antara unggas dan manusia. Analisis kestabilan dan solusi gelombang berjalan memberikan pemahaman tentang kondisi penyebaran dan keberlanjutan penyakit. Namun, model ini masih terbatas karena belum mempertimbangkan faktor pemulihan unggas, intervensi, dan pengaruh lingkungan, sehingga dapat dikembangkan lebih lanjut dengan penambahan faktor-faktor tersebut.

5. Ucapan Terima kasih

Penulis berterimakasih kepada LPPM Universitas Andalas atas dukungan pendanaan sesuai dengan Kontrak Penelitian Skripsi Sarjana Batch I Nomor. 114/UN16.19/PT.01.03/PSS/2024 Tahun Anggaran 2024, serta semua yang terlibat dalam penelitian ini.

Daftar Pustaka

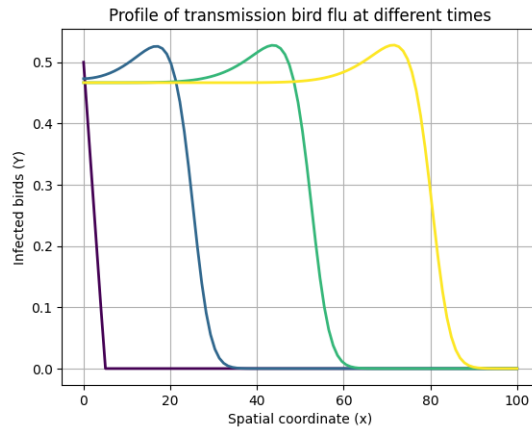
- [1] A. Patel, G. Wong, M. Sahib, and G. P. Kobinger, 2012, Conventional and Experimental Vaccines Against Avian Influenza. Nova Science Publishers, Inc.: 21 – 47
- [2] Sarah, 2019, Hegemoni melalui regulasi virus sharing internasional: Studi kasus virus flu burung a (h5n1) indonesia, *Jurnal Penelitian Hukum*, Vol. **19**(3): 361 – 383
- [3] World Health Organization, 2024, Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza a(h5n1) reported to WHO 2003-2024, accessed: 2024-04-



Gambar. 7: Plot Solusi Positif dari Sistem Persamaan (3.12) Untuk $m = 0.5$ dan $d_1 = 5$

26, available: [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2024-26-february-2024](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2024-26-february-2024)

- [4] K. K. R. Indonesia, 2023, Pedoman Penanggulangan Flu Burung. Kemenkes RI
- [5] S. Iwami and Y. Takeuchi, 2012, Potential Risks of Vaccination against Avian Flu Epidemics. Nova Science Publishers, Inc.: 167 – 194
- [6] M. Derouich and A. Boutayeb, 2008, An avian influenza mathematical model, *Applied Mathematical Sciences*, Vol. **2**(36): 1749 – 1760



Gambar. 8: Profil Transmisi Virus Flu Burung ketika $m = 0.5$ dan $d_1 = 5$

- [7] Tasmi and N. Nuraini, 2016, Optimal vaccination and treatment schedules in a deterministic avian influenza model, *Journal of Mathematical and Fundamental Sciences*, Vol. **48**(2): 164 – 177
- [8] A. R. Kimbir, T. Aboiyar, and P. N. Okolo, 2014, A model analysis for the transmission dynamics of avian influenza, *Mathematical Theory and Modelling*, Vol. 4(1): 15 – 28
- [9] R. Zang, J. Wang, and S. Liu, 2021, Traveling wave solutions for a class of discrete diffusive SIR epidemic model, *Journal of Nonlinear Science* Vol. **31**(10):
- [10] H. F. Huo, S. K. Hu, and H. Xiang, 2021, Traveling wave solution for a diffusion seir epidemic model with self-protection and treatment, *Electronic research archive*, Vol. **29**(3): 2325 – 2358
- [11] S. R. Pudjaprasetya and A. Y. Gunawan, 2010, A travelling pulse behavior of the spread of the avian flu viruses among flock and human, *Journal of the Indonesian Mathematical Society*, Vol. 16(1): 39 – 49
- [12] A. R. Putri and R. Husna, 2019, Traveling wave solutions for the spatial diffusion of bird flu model, *Journal of Physics: Conference Series*, Volume 1317, The 3rd International Conference on Mathematics, Sciences, Education, and Technology 4–5 October 2018, Padang, Indonesia: 1 – 8
- [13] C. Tadmon, B. Tsanou, and A. F. Fossi, 2022, Avian-human influenza epidemic model with diffusion, nonlocal delay and spatial homogeneous environment, *Nonlinear Analysis: Real World Applications*: 1 – 36
- [14] O. Diekmann and J. A. P. Heesterbeek, 2010, The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models, *Journal of The Royal Society*, Vol. **7**: 873 – 885
- [15] S. Wiggins, 2003, Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos. Springer Science and Business Media