

# Analisis Model Metapopulasi Pada Transmisi Virus Hepatitis A (Studi Kasus di Jawa Barat, Jawa Tengah dan Jawa Timur)

Riad Taufik Lazwardi, M.Si.<sup>1, a)</sup> Diny Zulkarnaen, M.Si.<sup>2, b)</sup> Dr. Esih Sukaesih<sup>3, c)</sup>

<sup>1</sup>Kalbis Institute

<sup>2</sup>Uin Sunan Gunung Djati Bandung

<sup>3</sup>Uin Sunan Gunung Djati Bandung

<sup>a)</sup>[riad.lazwardi@kalbis.ac.id](mailto:riad.lazwardi@kalbis.ac.id)

## Abstrak

Indonesia merupakan negara endemik hepatitis peringkat ketiga sedunia. Hepatitis merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus. Penyakit hepatitis terbagi menjadi beberapa tipe, salah satunya virus hepatitis A (HAV). Model matematika yang memodelkan penyebaran penyakit ini adalah model yang dibuat oleh Marco Ajelli. Marco Ajelli membuat model metapopulasi pada transmisi virus hepatitis A (HAV) yang diterapkan di negara Italia. Hasil yang diperoleh adalah vaksinasi yang dilakukan di salah satu negara bagian (Puglia) dapat mengurangi secara signifikan jumlah penderita di negara tersebut secara keseluruhan. Skripsi ini mengajukan sebuah model yang dapat diterapkan di Indonesia khususnya di Jawa Barat, Jawa Tengah dan Jawa Timur. Simulasi dilakukan untuk mengetahui pengaruh program vaksinasi yang dilakukan pada satu wilayah terhadap wilayah yang lain dan mengetahui wilayah yang paling optimal untuk diberikan program vaksinasi secara massal jika program vaksinasi massal hanya dapat dilakukan pada satu wilayah saja. Oleh karena itu, faktor mobilitas *spatial* merupakan faktor yang sangat diperhatikan. Dari hasil simulasi yang dilakukan di daerah Jawa Barat, Jawa Tengah dan Jawa Timur diperoleh kesimpulan bahwa program vaksinasi yang dilakukan di Jawa Timur, akan secara optimal mengurangi jumlah penderita hepatitis A di Jawa Barat, Jawa Tengah dan Jawa Timur.

*Kata kunci : model metapopulasi, hepatitis A (HAV), vaksinasi*

## Abstract

Indonesia is the third endemic hepatitis country in the world. Hepatitis is an infectious disease caused by a virus. Hepatitis is divided into several types, one of which is the hepatitis A virus (HAV). The mathematical model that modeled the spread of this disease was the model made by Marco Ajelli. Marco Ajelli made a model of metapopulation in the transmission of hepatitis A virus (HAV) applied in Italy. The results obtained are that vaccinations carried out in one state (Puglia) can significantly reduce the number of sufferers in the country as a whole. This thesis proposes a model that can be applied in Indonesia especially in West Java, Central Java and East Java. The simulation was conducted to determine the effect of vaccination programs carried out in one area on another and to find out the most optimal area for mass vaccination programs if mass vaccination programs can only be carried out in one area. Therefore, the spatial mobility factor is a very important factor. From the results of simulations conducted in West Java, Central Java and East Java, it was concluded that the vaccination program conducted in East Java would optimally reduce the number of hepatitis A sufferers in West Java, Central Java and East Java.

*Keywords: metapopulation model, hepatitis A (HAV), vaccination.*

## Pendahuluan

Hepatitis A adalah sebuah penyakit infeksi pada lever yang disebabkan oleh virus hepatitis A (HAV). Virus ini bisa menyebar dari manusia ke manusia dengan *oral-fecal route*, memakan makanan yang terkontaminasi HAV dan menggunakan *drugs* yang disuntikan ke dalam pembuluh darah dari penderita HAV. Hepatitis A adalah salah satu penyakit infeksi yang sering muncul di muka bumi, baik di negara berkembang atau di negara maju. Di negara maju, dua sumber utama pada infeksi HAV adalah dari kontak langsung antara individu-individu dan konsumsi langsung pada makanan atau minuman yang terkontaminasi. Di negara Italia, makanan laut adalah sumber utama pada infeksi HAV. Di negara berkembang, khususnya di Indonesia hepatitis terdeteksi di seluruh provinsi dengan prevalensi sebesar 0,6 % rentang (0,2 % - 1,9 %). Tiga belas provinsi mempunyai tingkat prevalensi di atas normal, tertinggi Sulawesi Tengah dan Nusa Tenggara Timur. Kasus hepatitis ini umumnya terdeteksi berdasarkan gejala klinis kecuali Provinsi Jawa Timur, Sumatra Selatan, Kalimantan Tengah dan Sulawesi Utara berdasarkan diagnosis oleh tenaga kesehatan. Prevalensi hepatitis klinis paling tinggi terdeteksi pada umur  $\geq 55$  tahun, hampir lebih tinggi di pedesaan daripada perkotaan dan cenderung tinggi pada pendidikan rendah. Prevalensi hepatitis klinis merata di semua tingkat pengeluaran rumah tangga per kapita. Adapun proporsi penyebab kematian pada golongan semua umur dari kelompok penyakit menular, penyakit hati (termasuk Hepatitis kronik) menduduki urutan ke-2 [7]. Terdapat vaksin yang efektif untuk penyakit hepatitis A dan banyak Negara merekomendasikan pemberian vaksin pada anak kecil (contoh Amerika). Namun, Indonesia belum melakukan imunisasi rutin untuk hepatitis A. Oleh karena itu, banyak model matematika pada masalah HAV dibuat untuk mengevaluasi keefektifan berbagai strategi pengontrolan. Dalam paper *Spatiotemporal Dynamics of Viral Hepatitis A in Italy*, dari model metapopulasi yang dibuat dapat diperoleh bahwa program vaksinasi penyakit hepatitis A yang dilakukan di daerah Puglia (Italia) dapat dengan baik mengurangi jumlah penderita di wilayah lain secara optimal dalam suatu periode. Penelitian ini terfokus pada model metapopulasi yang bisa diterapkan di Indonesia khususnya di Jawa Barat, Jawa Tengah dan Jawa Timur kemudian menganalisis perilaku perpindahan virus HAV dari manusia ke manusia dan dari makanan yang terkontaminasi kepada manusia. Tujuan utamanya adalah menentukan wilayah yang harus dilakukan program vaksinasi di satu wilayah yang dapat mengurangi penderita di seluruh wilayah. Model matematika yang dibuat diharapkan dapat memberikan manfaat khususnya kepada pemerintah dalam memberikan kebijakan penentuan wilayah yang harus diberikan program vaksinasi penyakit hepatitis A.

## Model Metapopulasi

$$\begin{aligned} S'_k(t) &= -\Lambda_k(t)S_k(t) - \mu_k S_k(t) + b_k N_k \\ I'_k(t) &= \Lambda_k(t)S_k(t) - (\gamma_k + \mu_k)I_k(t) \\ R'_k(t) &= \gamma_k I_k(t) - \mu_k R_k(t) \\ A'_k(t) &= \delta_k(I_k(t) - A_k(t)) \end{aligned}$$

$$\Lambda_k(t) = \sum_{j=1}^n \beta_{kj} \frac{I_j(t)}{N_j} + \sum_{j=1}^n \tilde{\beta}_{kj} A_j(t)$$

$S_k$  adalah jumlah manusia yang rentan terhadap penyakit hepatitis A di wilayah  $k$ ,  $I_k$  adalah jumlah penderita hepatitis A di wilayah  $k$ ,  $R_k$  adalah penderita yang berhasil sembuh di wilayah  $k$ ,  $A_k$  adalah jumlah virus HAV di wilayah  $k$ ,  $\lambda_k$  adalah laju transmisi virus HAV di wilayah  $k$ ,  $\mu_k$  adalah laju kematian di wilayah  $k$ ,  $N_k$  adalah jumlah populasi manusia di wilayah  $k$ ,  $\gamma_k$  adalah rata-rata waktu penularan virus HAV di wilayah  $k$ ,  $\delta_k$  adalah rata-rata waktu bertahan

hidup virus HAV di lingkungan  $k$ ,  $\beta_{kj} \geq 0$  adalah laju transmisi untuk kontak langsung diantara wilayah  $k$  dan  $j$ ,  $k, j = 1, \dots, n$  dimana  $k \neq j$ . Begitu juga dengan  $\tilde{\beta}_{kj} \geq 0$  adalah laju transmisi untuk kontak tidak langsung antara wilayah  $k$  dan  $j$ ,  $k, j = 1, \dots, n$  dimana  $k \neq j$ .

Diketahui  $S_k + I_k + R_k = N_k$ . Didefinisikan  $s_k(t) = \frac{S_k(t)}{N_k}$ ,  $i(t) = \frac{I(t)}{N_k}$ ,  $r(t) = \frac{R_k(t)}{N_k}$ ,  $a(t) = \frac{A_k(t)}{N_k}$ ,  $\hat{\beta}_{kj} = N_k = \tilde{\beta}_{kj}$

$$\begin{aligned} i'_k(t) &= \lambda_k(t)[1 - i_k(t) - r_k(t)] - (\gamma_k - \mu_k)i_k(t) \\ r'_k(t) &= \gamma_k i_k(t) - \mu_k r_k(t) \\ a'_k(t) &= \delta_k [i_k(t) - a_k(t)] \\ \lambda_k(t) &= \sum_{j=1}^n \beta_{kj} i_j(t) + \sum_{j=1}^n \hat{\beta}_{kj} a_j(t) \end{aligned}$$

Beberapa faktor penting dalam penyebaran penyakit menular adalah siapa bertemu siapa, dimana pertemuan itu berlangsung dan seberapa sering. Oleh karena itu, diperlukan pengembangan dari model metapopulasi di atas. Salah satunya dengan melibatkan mobilitas *spatial* dari individu di setiap populasinya sehingga transmisi virus HAV dirubah menjadi

$$\lambda_k(t) = \sum_{j=1}^n p_k c_{kj} i_j(t) + \sum_{j=1}^n \hat{p}_k c_{kj} a_j(t)$$

$p_k$  adalah laju transmisi virus HAV via kontak langsung untuk individu yang tinggal di wilayah  $k$ .  $\hat{p}_k$  adalah laju transmisi virus HAV via kontak tidak langsung untuk individu yang tinggal di wilayah  $k$ .  $c_{kj}$  adalah kontak yang menggambarkan adanya kontak antar wilayah  $k$  dan  $j$  (mobilitas *spatial*).

Kontak sangat dipengaruhi dari mobilitas individu. Pada perkembangannya mobilitas individu dibedakan antara mobilitas harian seperti pergi ke kantor, pasar, sekolah dan mobilitas bukan harian seperti pergi bertamasya. Ada berbagai cara untuk memformulasikan kontak ini. Salah satunya dengan melibatkan jumlah populasi, Produk Domestik Bruto (PDB) suatu wilayah dan jarak antara dua wilayah, yaitu

$$c_{kj} = \theta \frac{g_k^{\tau d} g_j^{\tau r}}{d_{kj}^{\rho}}$$

dimana  $g_k$  adalah PDB wilayah  $k$ ,  $g_j$  adalah PDB wilayah  $j$ ,  $d_{kj}$  adalah jarak antara wilayah  $k$  dan  $j$ ,  $\theta$  adalah jumlah semua *commuter*,  $\tau d$ ,  $\tau r$ ,  $\rho$  adalah parameter yang harus dioptimasi dengan data yang ada (pergerakan populasi keluar wilayah, pergerakan populasi masuk kedalam wilayah, jarak pergerakan antar wilayah). Namun, karena ketersediaan data, nilai parameter  $p_k$ , dan  $\hat{p}_k c_{kj}$  yang digunakan untuk simulasi pada skripsi ini ditentukan tanpa perhitungan.

### Hasil dan Diskusi

Titik Equilibrium ( $i^*, r^*, a^*$ )

1.  $E_1 = (0,0,0)$
2.  $E_2 =$

$$i^* = \frac{\mu}{\mu + \gamma} \left[ 1 - \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} \right]$$

$$r^* = \frac{\gamma}{\mu + \gamma} \left[ 1 - \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} \right]$$

$$a^* = \frac{\mu}{\mu + \gamma} \left[ 1 - \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} \right]$$

$$R_0 = \frac{\beta + \hat{\beta}}{\mu + \gamma}$$

Maka diperoleh titik equilibrium

1.  $E_1 = (0,0,0)$
2.  $E_2 = \left( \frac{\mu}{\mu + \gamma} \left[ 1 - \frac{1}{R_0} \right], \frac{\gamma}{\mu + \gamma} \left[ 1 - \frac{1}{R_0} \right], \frac{\mu}{\mu + \gamma} \left[ 1 - \frac{1}{R_0} \right] \right)$

Tabel 1. Nilai Parameter  $R_0$

Wilayah	$R_0$	$\beta + \hat{\beta}$	$i^*$
Jawa Barat	2.9	2.9031	6.9898e-004
Jawa Tengah	1.31	1.3114	2.5246e-004
Jawa Timur	2.43	2.4326	6.2782e-004

dengan nilai parameter  $\gamma = 1$ ;  $\mu = 0:00106$ ;  $j = 1$ ; 2; 3 (1= Jawa Barat, 2=Jawa Tengah, 3=Jawa Timur) diperoleh titik equilibrium pada table di atas.

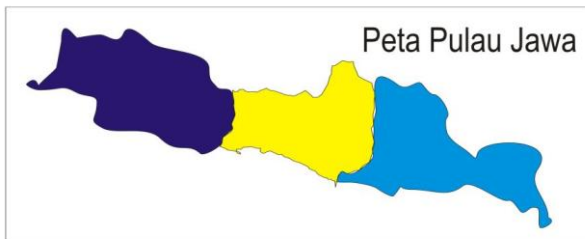
Tabel 2. Titik Equilibrium

Wilayah	$R_0$	$\lambda^*$	$i^*$	$r^*$	$a^*$
Jawa Barat	2.9	2.9538e-002	1.0296e-003	9.6408e-001	1.0296e-003
Jawa Tengah	1.31	1.0983e-002	9.7231e-004	9.1041e-001	9.7231e-004
Jawa Timur	2.43	3.1646e-002	1.0320e-003	9.6632e-001	1.0320e-003

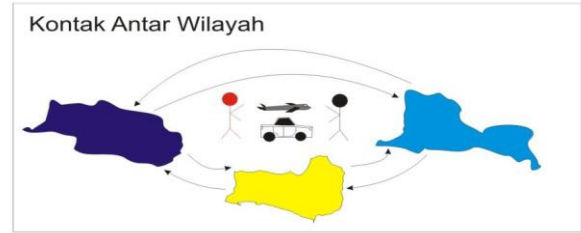
### Simulasi Model

Nilai dari parameter pada model metapopulasi ini diambil dari jurnal *Spatiotemporal Dynamic of Viral Hepatitis A in Italy* sedangkan nilai awal penderita hepatitis A diambil berdasarkan data dari Kementerian Kesehatan Indonesia yaitu Riset Kesehatan Dasar 2007 (Riskesdas 2007). Namun, karena ketersediaan data, tidak digunakan nilai awal penderita hepatitis A tetapi digunakan nilai awal penderita hepatitis secara umum. Pada Riskesdas 2007, diperoleh jumlah penderita hepatitis: Jawa Barat 0,3%, Jawa Tengah 0,1% dan Jawa Timur 0,2% (populasi yang diambil adalah populasi rumah tangga). Ini bertolak belakang dengan data program vaksinasi yang dilakukan pada individu. Oleh karena itu, digunakan rata-rata jumlah anggota rumah tangga yaitu jumlah seluruh penduduk dibagi jumlah rumah tangga. Menurut Sensus 2010, jumlah rumah tangga di Indonesia menurut luas lantai tempat tinggal dan jumlah anggota rumah tangga adalah 61:156:679 sedangkan jumlah penduduk Indonesia pada 6 Desember 2012

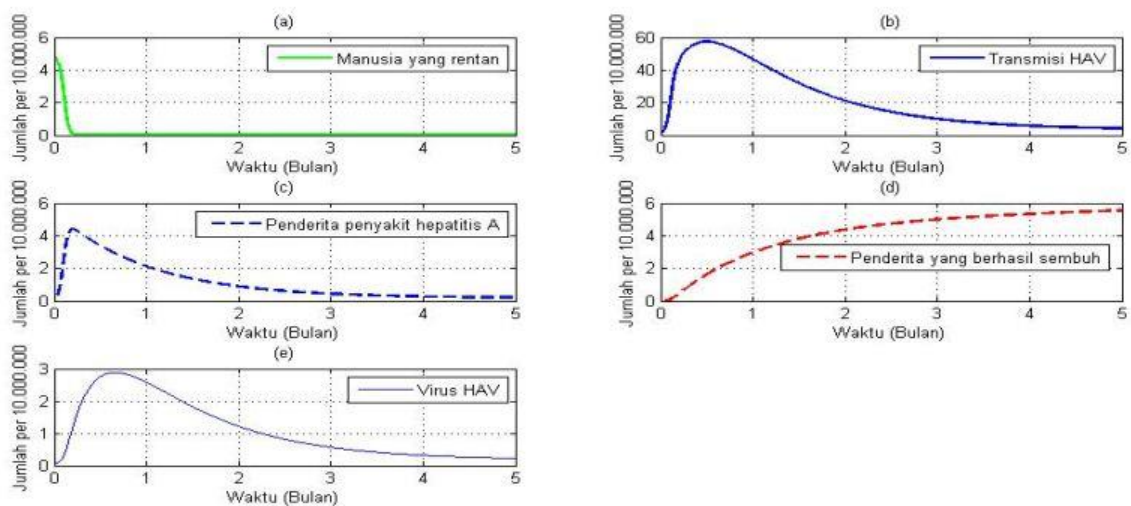
menurut data dari KPU adalah 251:857:940. Maka rata-rata jumlah anggota rumah tangga di Indonesia 4 jiwa. Jumlah Penderita Penyakit Hepatitis di Jawa Barat 755.570, Jawa Tengah 251.860 dan Jawa Timur 503.700. Adapun populasi penduduk di Jawa Barat pada 6 Januari 2013 adalah 49.153.773. Jawa Tengah sekitar 32.684.247, Jawa Timur 37.476.757. Nilai awal untuk jumlah virus diasumsikan sama dengan penderita dan nilai awal penderita yang sembuh diasumsikan nol.



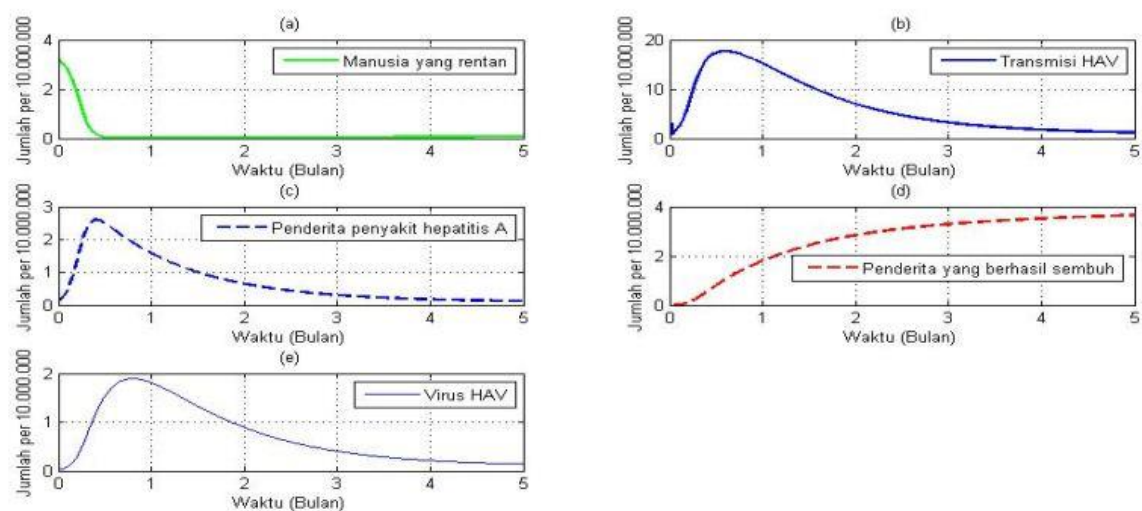
Gambar 1. Ilustrasi Peta Pulau Jawa



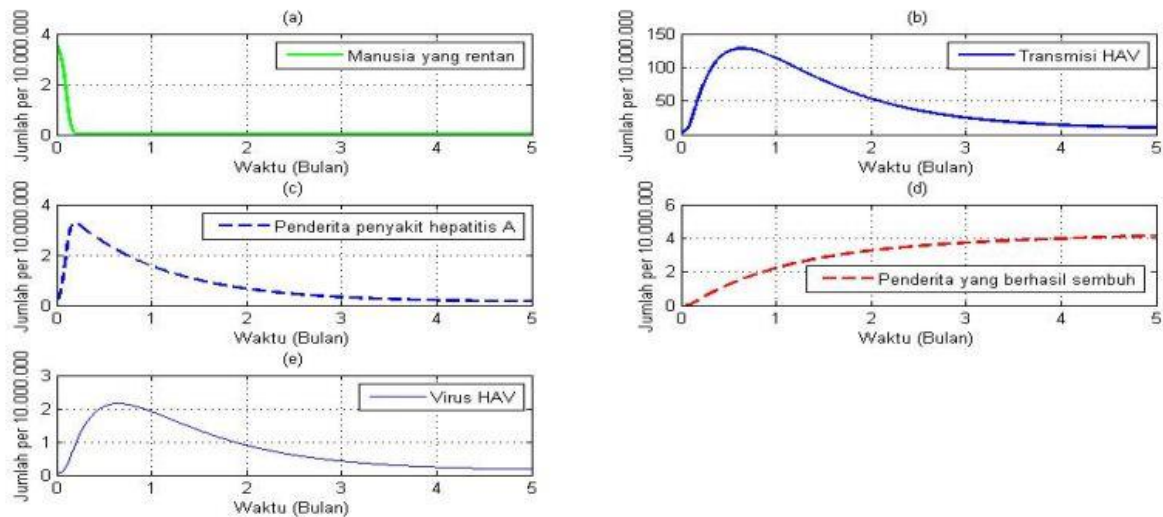
Gambar 2. Ilustrasi Mobilitas di Pulau Jawa



Gambar 3. Dinamika Model Metapopulasi di Jawa Barat



Gambar 4. Dinamika Model Metapopulasi di Jawa Tengah



Gambar 5. Dinamika Model Metapopulasi di Jawa Barat

**Kesimpulan**

1. Model metapopulasi transmisi virus HAV yaitu

$$\begin{aligned}
 S'_k(t) &= -\Lambda_k(t)S_k(t) - \mu_k S_k(t) + b_k N_k \\
 I'_k(t) &= \Lambda_k(t)S_k(t) - (\gamma_k + \mu_k)I_k(t) \\
 R'_k(t) &= \gamma_k I_k(t) - \mu_k R_k(t) \\
 A'_k(t) &= \delta_k(I_k(t) - A_k(t)) \\
 \Lambda_k(t) &= \sum_{j=1}^n p_k c_{kj} \frac{I_j(t)}{N_j} + \sum_{j=1}^n \hat{p}_k c_{kj} A_j(t)
 \end{aligned}$$

2. Dari hasil analisis model metapopulasi, diperoleh :
  - a) Titik equilibrium yang diperoleh dari 3 wilayah dapat dilihat dari tabel

Wilayah	$i^*$	$r^*$	$a^*$
Jawa Barat	1.0296e-003	9.6408e-001	1.0296e-003
Jawa Tengah	9.7231e-004	9.1041e-001	9.7231e-004
Jawa Timur	1.0320e-003	9.6632e-001	1.0320e-003

- b) Titik DFE stabil asimtot secara lokal jika  $R_0 < 1$  dan tidak stabil untuk  $R_0 > 1$   
Dan pada titik endemik ekuilibrium stabil asimtot secara lokal
3. Program vaksinasi yang paling optimal dapat diperoleh dari presentase jumlah penderita dibagi jumlah penduduk. Oleh karena itu, program vaksinasi yang paling optimal adalah program vaksinasi yang dilakukan di daerah Jawa Timur karena dalam waktu 4,77 bulan jumlah penderita di Jawa Timur sudah hilang dan menyebabkan jumlah presentase penderita di Jawa Barat 0.00014444 dan di Jawa Tengah 0.00024783, presentase jumlah penderita di Jawa Barat ditambah Jawa Tengah lebih kecil dibandingkan dengan yang lainnya.

Wlayah Vaksinasi	Penderita di Jawa Barat	Penderita di Jawa Tengah	di Jawa Timur
Jawa Barat	0 (4,3 bulan)	2.8148e – 004%	1.5083e – 004%
Jawa Tengah	2.2989e – 004%	0 (6,61 bulan)	1.6943e-004
Jawa Timur	1.4444e – 004%	2.4783e – 004%	0 (4,77 bulan)

### Referensi

- [1]. Ajelli, M., Spatiotemporal Dynamic of Viral Hepatitis A (HAV) in Italy, *Journal Population Biology*, 2009.
- [2]. Colizza, V. dan Vespigani, A., Epidemic Modeling in Metapopulation System with Heterogeneous Coupling Pattern Theory and Simulation, *Science Direct*, 2007
- [3] Chow, L., Fan, M., Feng, Z., Dynamic of Multigroup Epidemiological Model with Group-Targeted Vaccination Strategies, *Journal of Theoretical Biology*, 2011.
- [4] Driessche, P. and Watmough, J., Reproduction Numbers and Subthreshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission, *Elsevier Science*, 2005.
- [5] Dieskmann, O., Heesterbeek, J., Metz, J., On the Definition and the Computation of the Basic Reproduction Ratio  $R_0$  in Models for Infection Disease in Heterogeneous Population, *J.Math.Biol.*28, 365-382, 1990.
- [6] Murray, J.D., *Mathematical Biology I An Introduction* ,Third Edition, New York:Springer, 2002.
- [7] T. Soendoro, *Riset Kesehatan Dasar (RISKESDAS 2007)* , Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan Departemen Kesehatan Republik Indonesia, 2008.
- [8] Boyce, M.W. and Diprima, C.R., *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problem*, Seven Edition, John Wiley and Sons.Inc, 2000.
- [9] Niel Hiens et al., *Modeling Infectious Disease Parameters Based on Serological and Contact Data*, *Statistic for Biology and Health*, 2012.
- [10] Indrawan, M., Rimack, B.R., Jatna Supriatna, *Biologi Konservasi*, Yayasan Obor Indonesia, 1998