
MODEL TRANSMISI SCHISTOSOMIASIS JAPONICA PADA SAPI DENGAN TREATMENT PADA HOST DAN VEKTOR ONCOMELANIA HUPENSIS

Saparin

Jurusan Teknik Mesin, Fakultas Teknik Universitas Bangka Belitung
Gedung Dharma Pengabdian Kampus Terpadu Universitas Bangka Belitung, Balunijuk

e-mail: saparinpdca@gmail.com

ABSTRAK

Schistosomiasis japonica adalah penyakit zoonotik yang disebabkan oleh cacing *schistosoma japonicum* yang menginfeksi manusia dan hewan reservoir. Sapi merupakan salah satu hewan reservoir yang bertanggung jawab terhadap transmisi penyakit ini ke manusia. Oleh karena itu, model transmisi *Schistosomiasis japonica* pada sapi dengan *treatment* pada sapi dan vektor *Oncomelania hupensis* (keong) dibahas pada penelitian ini. Sistem dinamik dengan enam kompartemen dikonstruksi disini. Kompartemen tersebut terdiri dari empat kompartemen sapi (sapi *susceptible*, *exposed*, *infected* dan *treated*) dan dua kompartemen keong (keong *susceptible* dan *infected*). Sapi yang terinfeksi yang di *treatment* akan dimasukkan ke kompartemen *treated*. Analisis dinamik seperti eksistensi dari kondisi endemik, *basic reproductive ratio*, analisis kestabilan dan simulasi numerik dikaji disini. *Basic reproductive ratio* diperoleh dari spektral radius *Next Generation Matrix (NGM)* dari model. Dari hasil simulasi numerik dengan data yang dipilih menunjukkan bahwa untuk menanggulangi *Schistosomiasis japonica* dengan *treatment* pada sapi dan keong bisa mereduksi jumlah populasi sapi terinfeksi secara signifikan.

Kata kunci : Sapi, *Schistosomiasis japonica*, *Basic reproductive ratio*, *Oncomelania hupensis*, *Next Generation Matrix (NGM)*.

PENDAHULUAN

Schistosomiasis adalah penyakit akut dan kronis yang disebabkan oleh parasit cacing darah (cacing trematoda) dari genus *Schistosoma*. Pada tahun 2012 ada sekitar 249 juta orang memerlukan perawatan pencegahan. Perawatan pencegahan yang harus diulang selama beberapa tahun akan mengurangi dan mencegah morbiditas (WHO,2014). Infeksi cacing *Schistosoma* menjadi masalah kesehatan masyarakat yang serius, telah menginfeksi lebih dari 200 juta penduduk dunia di sekitar 76 negara dan tercatat 15.000 orang meninggal karena *Schistosomiasis* setiap tahunnya (Zhou, 2012).

Di Indonesia hanya ditemukan di Propinsi Sulawesi Tengah yaitu dataran Lindu, Napu dan Bada, disebabkan oleh *Schistosoma japonicum* (cacing darah). Cacing ini hidup di pembuluh darah terutama di kapiler darah dan vena kecil dekat selaput lendir usus (Ditjen PP dan PL Kementerian Kesehatan, 2010).

Penularan *Schistosomiasis japonica* terjadi melalui kontak langsung dengan air, dimana siput penular yang membawa larva infektif cacing *Schistosoma* yaitu larva serkaria kontak dengan hewan reservoir ataupun manusia. Siput penular *Schistosoma japonicum* adalah *Oncomelania hupensis* (Ditjen PP dan PL Kementerian Kesehatan, 2010).

Penularan *Schistosomiasis japonica* terjadi melalui kontak langsung dengan air, dimana siput penular yang membawa larva infektif cacing *Schistosoma* yaitu larva serkaria kontak dengan hewan reservoir ataupun manusia. Siput penular *Schistosoma japonicum* adalah *Oncomelania hupensis* (Ditjen PP dan PL Kementerian Kesehatan, 2010)

Pada penelitian ini akan dikonstruksikan model infeksi *Schistosoma japonicum* pada sapi (*host*) yang dilakukan intervensi melalui pengobatan (*praziquantel*) dan pada keong penular sebagai vektor dilakukan kontrol dengan pemanenan. Tujuan penelitian : Mengkonstruksikan model infeksi *Schistosomiasis japonica* pada sapi; memahami hasil analisis dinamik dari model infeksi tersebut; Menentukan ambang batas atau *basic reproductive ratio* (R_0) dan menginterpretasikan hasil simulasi numerik dan hasil analisis sensitivitas model infeksi *Schistosomiasis japonica* pada sapi.

MODEL MATEMATIKA TRANSMISI *Schistosomiasis japonica* PADA SAPI

Dimisalkan di suatu daerah peternakan seluas 5 hektar dengan populasi awal sapi 75 ekor dan terdapat 500 ekor keong penular (*Oncomelania hupensis*). Di wilayah tersebut terdapat kolam, sungai, rawa-rawa dan danau yang menjadi habitat keong penular. Dalam permodelan ini, sapi dikatakan sebagai *host* dan *Oncomelania hupensis* sebagai vektor dengan asumsi sebagai berikut :

Tingkat kelahiran populasi sapi dan populasi *Oncomelania hupensis* bersifat konstan.

Pada sapi terdapat empat kompartemen yaitu S_h , E_h , I_h dan T_h .

Masa *exposed* atau inkubasi sapi adalah 2 tahun.

Lifetime sapi adalah 30 tahun.

Pada *Oncomelania hupensis* terdapat dua kompartemen yaitu S_k dan I_k .

Lifetime *Oncomelania hupensis* adalah 1 tahun.

Sapi yang telah sembuh kebal sementara.

Tabel 1. Variabel yang digunakan pada model

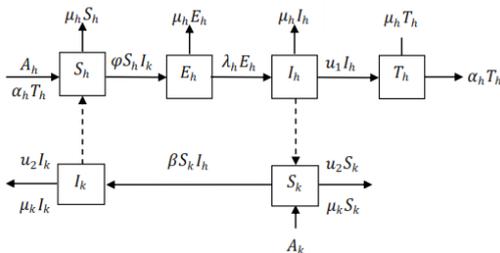
Variabel	Deskripsi	Satuan
$S_h(t)$	Sapi <i>Susceptible</i>	Ekor
$E_h(t)$	Sapi <i>Exposed</i>	Ekor
$I_h(t)$	Sapi <i>Infected</i>	Ekor
$T_h(t)$	Sapi <i>Treatment</i>	Ekor
$S_k(t)$	Keong <i>Susceptible</i>	Ekor
$I_k(t)$	Keong <i>Infected</i>	Ekor

Parameter yang digunakan untuk mengkonstruksi model dapat dilihat pada Tabel.2 berikut ini :

Tabel 2. Daftar parameter

Parameter	Penjelasan	Satuan
ψ	Banyaknya penetrasi sukses keong per sapi per hari	keong/sapi × hari
μ_h	Laju kematian sapi	1/ hari
α_h	Laju kesembuhan manusia	1/hari
A_h	Rata-rata perekrutan pada populasi sapi	sapi/hari
λ_h	Transisi dari sapi <i>exposed</i> ke sapi <i>infected</i>	1/hari
u_1	Kontrol pada sapi dengan pengobatan	1/hari
β	Banyaknya penetrasi sukses sapi per keong per hari	sapi/keong × hari
μ_k	Laju kematian <i>Oncomelaniahupensis</i> (keong)	1/hari
A_k	Rata-rata perekrutan pada populasi <i>Oncomelania hupensis</i>	keong/hari
u_2	Kontrol pada keong dengan pemanenan	1/hari

Transmisi *Schistosomiasis japonica* digambarkan dalam interaksi antara S_h (sapi sehat dan tergolong rentan), E_h (sapi yang terinfeksi tapi belum bisa menginfeksi), I_h (sapi terinfeksi), T_h (sapi yang ditreatment), S_k (keong sehat dan tergolong rentan) dan I_k (keong terinfeksi). Transmisi *Schistosomiasis japonica* ini dapat digambarkan dalam sebuah diagram interaksi seperti pada Gambar 1 berikut ini :



Gambar 1. Diagram kompartemen *host-vektor*

Pada model *host-vektor* gambar 1, populasi S_h, E_h, I_h, T_h, S_k dan I_k adalah suatu fungsi terhadap waktu t . Pada awalnya, S_h berinteraksi dengan I_k yang kemudian S_h menjadi E_h . Selama periode waktu

tertentu E_h berubah menjadi I_h . Setelah itu, I_h dilakukan pengobatan dipindahkan kekompartemen T_h dan selang periode tertentu akan sembuh menjadi sehat dan tergolong rentan masuk ke kompartemen S_h , sedangkan S_k yang berinteraksi dengan I_h akan masuk kekompartemen I_k saat I_k berinteraksi dengan S_h siklus transmisi *Schistosomiasis japonica* kembali berulang.

Selanjutnya akan ditinjau proses transmisi dalam masing-masing diagram kompartemennya. Pembahasan diagram kompartemen ini akan dibagi menjadi dua, yaitu kompartemen sapi dan kompartemen keong.

Model laju perubahan populasi terhadap waktu untuk kompartemen *host-vektor* adalah sebagai berikut :

$$\frac{dS_h}{dt} = A_h - \psi I_k(t) S_h(t) - \mu_h S_h(t) + \alpha_h T_h(t) \quad (3.1)$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \psi I_k(t) S_h(t) - \lambda_h E_h(t) - \mu_h E_h(t) \quad (3.2)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \lambda_h E_h(t) - u_1 I_h(t) - \mu_h I_h(t) \quad (3.3)$$

$$\frac{dT_h}{dt} = u_1 I_h(t) - \alpha_h T_h(t) - \mu_h T_h(t) \quad (3.4)$$

$$\frac{dS_k}{dt} = A_k - \beta I_h(t) S_k(t) - \mu_k S_k(t) - u_2 S_k(t) \quad (3.5)$$

$$\frac{dI_k}{dt} = \beta I_h(t) S_k(t) - \mu_k I_k(t) - u_2 I_k(t) \quad (3.6)$$

Diasumsikan semua nilai parameter bernilai positif, dapat ditulis sebagai berikut :

$$A_h > 0, \psi > 0, \lambda_h > 0, \mu_h > 0, u_1 > 0, \alpha_h > 0, A_k > 0, \beta > 0, \mu_k > 0, u_2 > 0$$

Untuk menyederhanakan perhitungan, maka permasalahan model akan ditinjau pada nilai populasi sapi $N_h(t)$ dan populasi keong $N_k(t)$ yang konstan. Dapat ditulis sebagai berikut :

$$N_h(t) = S_h(t) + E_h(t) + I_h(t) + T_h(t) \text{ dan } N_k(t) = S_k(t) + I_k(t)$$

Dengan mengasumsikan laju kelahiran pada sapi sama dengan laju kematiannya (μ_h) dan juga laju kelahiran pada keong sama dengan laju kematiannya (μ_k), maka banyaknya rata-rata perekrutan pada sapi dan keong dapat dinyatakan sebagai berikut.

$$A_h = \mu_h N_h(t) \text{ dan } A_k = (\mu_k + u_2) N_k(t)$$

Ekivalen dengan

$$N_h(t) = \frac{A_h}{\mu_h} \text{ dan } N_k(t) = \frac{A_k}{\mu_k + u_2}$$

Terdapat dua titik kesetimbangan untuk sistem (3.1) – (3.6) yaitu

Non-Endemik /Disease Free Equilibrium (DFE)

Titik kesetimbangan DFE menggambarkan suatu keadaan bebas infeksi. Pada titik kesetimbangan DFE, I_h dan I_k bernilai nol sehingga pada titik tersebut dicapai keadaan bebas infeksi.

$$DFE = \{E_h = 0, I_h = 0, I_k = 0, S_h = \frac{A_h}{\mu_h}, S_k = \frac{A_k}{\mu_k + u_2}, T_h = 0\}$$

Eksistensi titik kesetimbangan non-endemik terjamin apabila tidak terdapat populasi di kompartemen terinfeksi ($I_h = I_k = 0$) sedangkan populasi di kompartemen sehat bernilai positif ($S_h, S_k > 0$), eksistensi titik kesetimbangan non-endemik dapat dijamin.

Endemik

Titik kesetimbangan endemik terjadi saat nilai I_h dan I_k positif.

Didefinisikan $R_0^3 = \frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1)}$ dan

$$X = \mu_k + u_2.$$

Diperoleh titik kesetimbangan endemik sebagai berikut :

$$E_h = \frac{(R_0^3 - 1)(\mu_h + \alpha_h)(\mu_h + u_1)^2(\mu_h + \lambda_h)X^2}{\beta \lambda_h (\mu_h^3 X + (A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h + X \lambda_h) \mu_h^2 + ((A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + (A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \mu_h + ((A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \lambda_h + \alpha_h u_1 \psi A_k)}$$

$$I_h = \frac{(R_0^3 - 1)(\mu_h + \alpha_h) X^2 (\mu_h + \lambda_h) (\mu_h + u_1)}{\beta (\mu_h^3 X + (A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h + X \lambda_h) \mu_h^2 + ((A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + (A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \mu_h + ((A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \lambda_h + \alpha_h u_1 \psi A_k)}$$

$$I_k = \frac{(R_0^3 - 1)(\mu_h + \alpha_h) X (\mu_h + \lambda_h) (\mu_h + u_1)}{\psi (\mu_h^3 X + X (u_1 + \alpha_h + \lambda_h) \mu_h^2 + ((u_1 + \alpha_h) \mu_k + (u_1 + \alpha_h) u_2 + A_h \beta) \lambda_h + u_1 \alpha_h X) \mu_h + \lambda_h \alpha_h \beta A_h}$$

$$S_h = \frac{(\mu_h + \lambda_h)(\mu_h + u_1)(\mu_h^3 X + X(u_1 + \alpha_h + \lambda_h)\mu_h^2 + ((A_h \beta + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + u_1 \alpha_h X) \mu_h + \lambda_h \alpha_h \beta A_h) X}{\lambda_h \beta \mu_h (\mu_h^3 X + (A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h + X \lambda_h) \mu_h^2 + ((A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + (A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \mu_h + ((A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \lambda_h + \alpha_h u_1 \psi A_k)}$$

$$S_k = \frac{\mu_h (\mu_h^3 X + (A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h + X \lambda_h) \mu_h^2 + ((A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + (A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \mu_h + ((A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \lambda_h + \alpha_h u_1 \psi A_k)}{\psi (\mu_h^3 X + X (u_1 + \alpha_h + \lambda_h) \mu_h^2 + ((A_h \beta + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + u_1 \alpha_h X) \mu_h + \lambda_h \alpha_h \beta A_h)}$$

$$T_h = \frac{(R_0^3 - 1) u_1 X^2 (\mu_h + \lambda_h) (\mu_h + u_1)}{\beta (\mu_h^3 X + (A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h + X \lambda_h) \mu_h^2 + ((A_k \psi + X u_1 + X \alpha_h) \lambda_h + (A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \mu_h + ((A_k \psi + X \alpha_h) u_1 + \psi A_k \alpha_h) \lambda_h + \alpha_h u_1 \psi A_k)}$$

Eksistensi titik kesetimbangan endemik terjamin apabila seluruh populasi pada masing-masing kompartemen bernilai positif yaitu saat $S_h > 0, E_h > 0, I_h > 0, T_h > 0, S_k > 0$ dan $I_k > 0$. Oleh karena itu, dari persamaan (3.1) – (3.6) eksistensi titik kesetimbangan endemik dapat dijamin apabila dipenuhi syarat

$$R_0^3 - 1 > 0 \text{ Atau ekuivalen dengan } R_0^3 > 1.$$

ANALISIS DINAMIKA MODEL

Analisis Kestabilan non Endemik

Kestabilan titik kesetimbangan DFE dapat ditentukan berdasarkan nilai karakteristik dari matriks Jacobi sistem. Pelinieran sistem (3.1) – (3.6) yang dievaluasi disekitar titik kesetimbangan DFE menghasilkan matriks Jacobi :

$$Jac_{DFE} = \begin{pmatrix} -\mu_h & 0 & 0 & \alpha_h & 0 & \frac{\psi A_h}{\mu_h} \\ 0 & -\lambda_h - \mu_h & 0 & 0 & 0 & \frac{\psi A_h}{\mu_h} \\ 0 & \lambda_h & -\mu_h - u_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u_1 & -\alpha_h - \mu_h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{\beta A_k}{\mu_k + u_2} & 0 & -\mu_k - u_2 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta A_k}{\mu_k + u_2} & 0 & 0 & -\mu_k - u_2 \end{pmatrix}$$

Nilai eigen dari matriks Jac_{DFE} adalah

$$\lambda_1 = -(\mu_k + u_2)$$

$$\lambda_2 = -\mu_h$$

$$\lambda_3 = -(\alpha_h + \mu_h)$$

Dan $\lambda_4, \lambda_5, \lambda_6$ merupakan akar-akar dari persamaan $ax^3 + bx^2 + cx + d = 0$ (4.1)

Dengan

$$a = (\mu_k + u_2) \mu_h$$

$$b = (\mu_k + u_2) \mu_h (2\mu_h + \lambda_h + u_1 + \mu_k + u_2)$$

$$c = (\mu_k + u_2) (\lambda_h \mu_h + \lambda_h \mu_k + \lambda_h u_1 + \lambda_h u_2 + \mu_h^2 + 2\mu_h \mu_k + \mu_h u_1 + 2\mu_h u_2 + \mu_k u_1 + u_1 u_2)$$

$$d = (\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1) - \beta \psi A_h A_k \lambda_h$$

Jika akar-akar dari persamaan (4.1) negatif ($\lambda_4 < 0, \lambda_5 < 0$ dan $\lambda_6 < 0$) maka titik kesetimbangan

non endemik tersebut stabil. berikut ini uraian untuk melihat kestabilan titik kesetimbangan non endemik.

Untuk mendapatkan akar-akar negatif ($\lambda_4 < 0, \lambda_5 < 0$ dan $\lambda_6 < 0$) dari persamaan (4.1) maka harus dipenuhi kondisi sebagai berikut :

$$\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 = -\frac{b}{a}$$

$$\lambda_4 \lambda_5 + \lambda_5 \lambda_6 + \lambda_4 \lambda_6 = \frac{c}{a}$$

$$\lambda_4 \lambda_5 \lambda_6 = -\frac{d}{a}$$

Karena nilai $a > 0, b > 0$ dan $c > 0$, maka syarat perlu agar titik kesetimbangan non endemik stabil adalah $d > 0$ Sehingga diperoleh

$$\frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1)} < 1$$

Ekuivalen dengan

$$R_0^3 = \frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1)} < 1$$

Jadi titik kesetimbangan non endemik akan stabil jika $R_0^3 < 1$.

Next Generation Matrix dan *Basic Reproductive Ratio*

Basic reproductive ratio (R_0) didefinisikan ekspektasi banyaknya kasus sekunder yang diakibatkan oleh satu kasus primer pada suatu populasi “*virgin*” selama periode infeksi. Populasi “*virgin*” dalam definisi ini diartikan sebagai sebuah populasi yang didalamnya hanya terdapat populasi sehat saja.

R_0 adalah suatu kondisi ambang batas untuk menentukan kasus endemik pada populasi sapi. Parameter R_0 merupakan besaran tak berdimensi dan mempunyai nilai ambang batas 1. Jika $R_0 > 1$ maka akan terjadi endemik yang ditandai dengan meningkatnya populasi sapi terinfeksi. Dan sebaliknya, jika $R_0 < 1$ maka tidak terjadi endemik yang ditandai dengan menurunnya populasi sapi terinfeksi.

Basic reproductive ratio didapatkan dari spektral radius matriks generasi berikutnya (NGM). Matriks NGM sistem (3.1) – (3.6) diberikan oleh

$$NGM = \begin{bmatrix} 0 & 0 & \frac{A_h \psi}{\mu_h (\mu_k + u_2)} \\ \frac{\lambda_h}{\mu_h + \lambda_h} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{A_k \beta}{(\mu_k + u_2) (\mu_h + u_1)} & 0 \end{bmatrix}$$

Pada matrik NGM entri $\frac{A_h \psi}{\mu_h (\mu_k + u_2)}$

menginterpretasikan bahwa satu keong terinfeksi (I_k) dapat menghasilkan sebanyak $\frac{A_h \psi}{\mu_h}$ infeksi baru pada kompartemen sapi terinfeksi (I_h) selama periode waktu $\frac{1}{(\mu_k + u_2)}$.

$\frac{\lambda_h}{\mu_h + \lambda_h}$ menginterpretasikan sebanyak λ_h bertransisi menjadi sapi terinfeksi (I_h) selama periode waktu $\frac{1}{\mu_h + \lambda_h}$.

$\frac{A_k \beta}{(\mu_k + u_2) (\mu_h + u_1)}$ menginterpretasikan bahwa satu sapi terinfeksi (I_h) dapat menghasilkan sebanyak $\frac{A_k \beta}{(\mu_k + u_2)}$ infeksi baru pada kompartemen keong terinfeksi (I_k) selama periode waktu $\frac{1}{(\mu_h + u_1)}$.

Polinom karakteristik dari matriks *NGM* untuk menemukan R_0 diberikan oleh

$$P(x) = x^3(\mu_h + \lambda_h)\mu_h(\mu_k + u_2)^2(\mu_h + u_1) - \lambda_h A_h \psi A_k \beta$$

Diperoleh nilai eigen terbesar yang menyatakan bilangan R_0 adalah

$$R_0 = \sqrt[3]{\frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h)\mu_h(\mu_k + u_2)^2(\mu_h + u_1)}}$$

ANALISIS SENSITIVITAS

Hubungan antara pengobatan pada sapi (u_1) dan pemanenan *Oncomelania hupensis* (u_2) pada level set R_0

Nilai parameter untuk analisis sensitivitas u_1 dan u_2 :

$$A_h = \frac{75}{30 \times 365}, A_k = \frac{500}{365}, \mu_h = \frac{1}{30 \times 365}, \mu_k = \frac{1}{365}, \alpha_h = \frac{1}{6 \times 30}, \lambda_h = \frac{1}{24 \times 30}$$

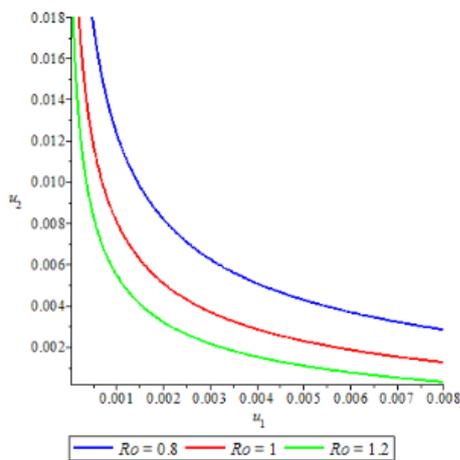
$$\psi = \frac{30}{100 \times 75 \times 200}, \beta = \frac{50}{100 \times 75 \times 100}$$

(*)

Substitusi nilai parameter (*) ke

$$R_0 = \sqrt[3]{\frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h)\mu_h(\mu_k + u_2)^2(\mu_h + u_1)}}$$

Dan dengan pemilihan $R_0 = 0.8$, $R_0 = 1$ dan $R_0 = 1.2$ diperoleh grafik sebagai berikut



Gambar 2. Hubungan u_1 dan u_2 terhadap level set R_0

Jumlah pengobatan u_1 tetap dan pemanenan keong u_2 semakin tinggi, maka nilai R_0 semakin kecil sehingga pada suatu waktu tertentu penyakit akan punah; pemanenan keong u_2 tetap, semakin tinggi pengobatan u_1 , maka nilai R_0 semakin kecil sehingga pada suatu waktu tertentu penyakit akan punah; semakin tinggi nilai u_1 dan u_2 , maka nilai R_0 semakin kecil sehingga pada suatu waktu tertentu penyakit akan punah.

SIMULASI NUMERIK

Parameter yang digunakan untuk simulasi

Nontreatment : $u_1 = u_2 = 0$; **Monotreatment u_1 :**

$$u_1 = \frac{80}{100 \times 6 \times 30}, u_2 = 0 ; \text{ Monotreatment } u_2 :$$

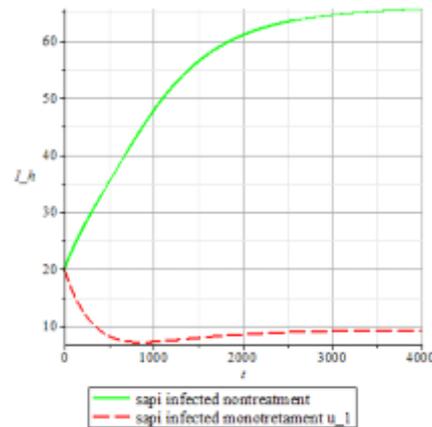
$$u_1 = 0, u_2 = \frac{45}{100 \times 6 \times 30} ; \text{ Kombinasi } u_1 \text{ dan } u_2 :$$

$$u_1 = \frac{80}{100 \times 6 \times 30}, u_2 = \frac{45}{100 \times 6 \times 30}$$

Nilai awal yang diberikan untuk sistem(3.1) – (3.6): $S_h(0) = 15$; $E_h(0) = 30$; $I_h(0) = 20$; $T_h(0) = 10$; $S_k(0) = 200$; $I_k(0) = 300$.

Dengan menggunakan parameter dan nilai awal yang dimiliki diperoleh R_0 untuk kasus nontreatment, monotreatment u_1 , monotreatment u_2 dan kombinasi treatment u_1 dan u_2 berturut turut yaitu 5,7236; 1,5571; 3,7148 dan 1,0106.

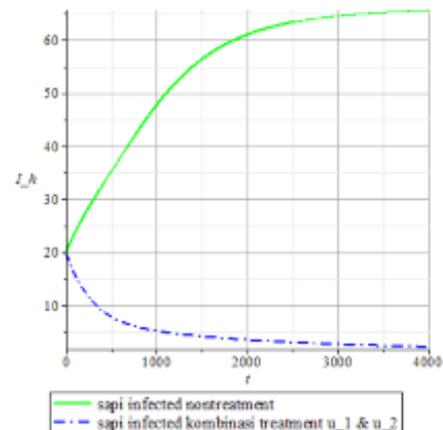
Hasil simulasi dengan nontreatment dan monotreatment u_1 pada kompartemen $I_h(t)$



Gambar 3. Grafik jumlah $I_h(t)$ dengan nontreatment dan monotreatment u_1

Berdasarkan nilai parameter yang dipilih, ketika populasi sapi terinfeksi tanpa dilakukan treatment ($u_1 = u_2 = 0$), diperoleh jumlah populasi sapi terinfeksi stabil menuju 69 ekor. Setelah dilakukan treatment $u_1 = \frac{80}{100 \times 6 \times 30}$ dan $u_2 = 0$, jumlah populasi sapi terinfeksi akan stabil menuju 10 ekor atau turun 85,51%.

Hasil simulasi dengan nontreatment dan kombinasi treatment u_1 dan u_2 pada kompartemen $I_h(t)$

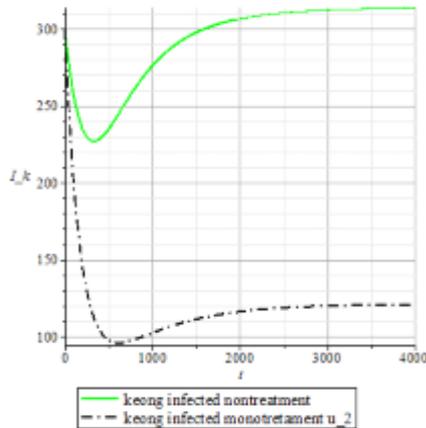


Gambar 4. Grafik jumlah $I_h(t)$ dengan nontreatment dan kombinasi treatment u_1 dan u_2

Pada Gambar 4 dalam waktu yang lama, jumlah populasi sapi terinfeksi adalah stabil menuju 1 ekor atau turun 98,55%. Berdasarkan nilai parameter yang dipilih, dapat dikatakan bahwa pengobatan pada sapi terinfeksi dibarengi dengan pemanenan populasi keong sangat berpengaruh secara signifikan untuk mereduksi populasi sapi terinfeksi. Dari treatment ini, diperoleh

nilai $R_0 = 1.0106 > 1$, selanjutnya untuk mereduksi populasi sapi terinfeksi menjadi nol, cukup menaikkan nilai u_2 yaitu $u_2 = \frac{46.62}{100 \times 6 \times 30}$ dan $u_1 = \frac{80}{100 \times 6 \times 30}$ tetap, diperoleh populasi sapi terinfeksi menjadi nol dengan nilai $R_0 = 0.9992 < 1$.

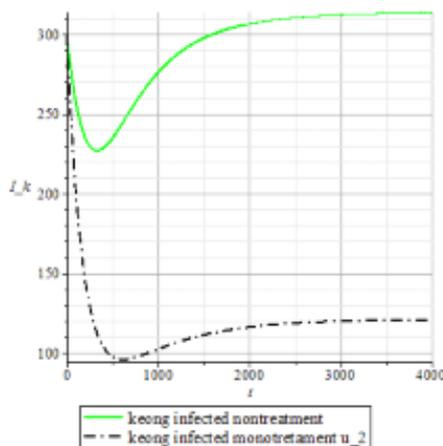
Hasil simulasi dengan *nontreatment* dan *monotreatment* u_2 pada kompartemen $I_k(t)$



Gambar 5. Grafik jumlah $I_k(t)$ dengan *nontreatment* dan *monotreatment* u_2

Pada Gambar 5 jumlah populasi keong terinfeksi adalah konstan menuju 121 ekor. Hal ini menunjukkan bahwa populasi keong terinfeksi turun 61,46 % dari 314 ekor menjadi 121 ekor.

Hasil simulasi dengan *nontreatment* dan kombinasi *treatment* u_1 dan u_2 pada kompartemen $I_k(t)$.



Gambar 6. Grafik jumlah $I_k(t)$ dengan *nontreatment* dan kombinasi *treatment* u_1 dan u_2

Pada Gambar 6 jumlah populasi sapi terinfeksi adalah konstan menuju 2 ekor atau turun 99,36 %.

KESIMPULAN

1. Syarat eksistensi titik kesetimbangan endemik yaitu

$$\frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1)} > 1$$

2. Syarat kestabilan titik kesetimbangan non-endemik yaitu

$$\frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1)} < 1$$

3. Basic reproductive ratio diperoleh yaitu

$$R_0 = \sqrt[3]{\frac{\lambda_h \psi A_h \beta A_k}{(\mu_h + \lambda_h) \mu_h (\mu_k + u_2)^2 (\mu_h + u_1)}}$$

4. Berdasarkan hasil simulasi numerik, *treatment* yang dilakukan secara bersamaan pada populasi keong dan sapi terinfeksi bisa mereduksi jumlah populasi sapi terinfeksi secara signifikan. *Monotreatment* pada populasi sapi terinfeksi lebih berpengaruh signifikan dibandingkan *monotreatment* pada populasi keong untuk mereduksi populasi sapi terinfeksi.

REFERENSI

Zhou, Y.B, Liang, S and Jiang, Q.W. 2012. Factors Impacting On Progress Towards Elimination of Transmission of Schistosomiasis Japonica in China. Ditjen PP dan PL Kementerian Kesehatan. 2010. Program Pengendalian Skistosomiasis. World Health Organization. Fact sheet N°115. Schistosomiasis. 2014.

Sudomo, M. 2008. Penyakit Parasitik yang Kurang Diperhatikan di Indonesia Orasi Penguatan Professor Riset Entomologi dan Moluska. Jakarta : Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan.

Nurjana, M.A. 2012. Infeksi Schistosoma Japonicum Pada Hospes Reservoir Tikus di Dataran Tinggi Napu, Kabupaten Poso, Sulawesi Tengah. Balai Litbang P2B2 Donggala, Balitbangkes, Kemenkes RI.

Iskandar, T. 2005. Tinjauan Schistosomiasis pada hewan dan manusia di Lembah Napu, Lembah Besoa, dan Lembah Danau Lindu Kabupaten Poso Sulawesi Tengah. Loka Karya Nasional Penyakit Zoonosis. Bogor. p.228-34

Diekmann, O., dan Heesterbeek, J.A.P. 2000. Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases, Model Building, Analysis and Interpretation. John Willey & Son, Chichester.

Tjitra, E. 1994. Penelitian-penelitian Schistosomiasis di Indonesia. Cermin Dunia kedokteran. 96:31-36.