

ANALISA MODEL EPIDEMIK DUA WILAYAH DUA LINTASAN

¹Nurlita Wulansari,² Hariyanto, ³ Chairul Imron

^{1,2,3}Jurusan Matematika, Fakultas MIPA, Institut Teknologi Sepuluh Nopember(ITS)
Jl. Arief Rahman Hakim, Surabaya 60111 Indonesia

¹nurlitawulansari9@gmail.com, ²hariyanto@matematika.i.ac.id, ³imron-its@matematika.its.ac.id

Abstrak— Bertambahnya jumlah orang yang meninggal dalam suatu wilayah karena terinfeksi virus menjadi momok bagi masyarakat. Hal ini disebabkan bukan hanya oleh individu terinfeksi dari wilayah yang sama, melainkan juga disebabkan oleh individu terinfeksi dari wilayah lain yang melakukan *travelling* dari satu wilayah ke wilayah lain menggunakan transportasi umum. Namun, transportasi umum dapat menyebarkan virus dari individu terinfeksi kepada individu rentan karena adanya kontak badan saat di perjalanan. Pada penelitian ini dikonstruksi model epidemik bertipe SEIR yang bertujuan untuk menggambarkan penyebaran virus antar dua wilayah melalui dua lintasan, sehingga dapat diprediksi penyebaran virus di suatu populasi. Terdapat tiga model dalam penelitian ini yaitu model wilayah satu, dua dan lintasan. Setiap model didapatkan bilangan reproduksi dasar yang dapat digunakan untuk mengetahui suatu wilayah dalam keadaan bebas penyakit atau dalam keadaan endemik. Selain itu dengan membandingkan besarnya bilangan reproduksi dasar wilayah satu $\mathcal{R}_{0_1}$, wilayah dua $\mathcal{R}_{0_2}$, dan lintasan $\mathcal{R}_{0_3}$ maka dapat diketahui sumber virus yang mengakibatkan wilayah satu, dua dan lintasan dalam keadaan endemik. $\mathcal{R}_{0_3} > \mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_1} > 1$ artinya penyebaran virus di lintasan paling tinggi. Hal ini disebabkan individu di lintasan yang berasal dari wilayah satu dan dua dalam keadaan endemik. $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_3} > 1$ dan $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ artinya sumber penyebaran virus di lintasan adalah individu *infected* dari wilayah dua. $\mathcal{R}_{0_2} < \mathcal{R}_{0_1} < \mathcal{R}_{0_3} < 1$ artinya tidak terjadi infeksi virus di wilayah satu, dua dan lintasan. Selain itu pada model epidemik tersebut dianalisis eksistensi dan ketunggalan dari sistem bertujuan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian ada dan tunggal. Selanjutnya dilakukan penyelesaian numerik dari model epidemik menggunakan metode Runge-Kutta orde 4 dan diilustrasikan menggunakan *software* Matlab.

Kata kunci — Model Epidemik SEIR dua-wilayah dua-lintasan, bilangan reproduksi dasar, metode numerik Runge-Kutta orde-4.

I. PENDAHULUAN

Virus adalah organisme parasit berukuran mikroskopik yang menginfeksi sel organisme biologis. Sebagian besar virus masuk dan berkembang biak dalam tubuh manusia dan hewan melalui mulut, hidung dan kulit yang luka [1]. Beberapa penyakit menular yang disebabkan oleh infeksi virus adalah influenza, batuk, pilek, tifus, flu burung, dan MERS. Ada beberapa penyakit yang memiliki masa inkubasi, yaitu masa dimana virus sudah masuk kedalam tubuh namun tubuh belum menunjukkan adanya infeksi suatu penyakit. Pada masa inkubasi, virus yang masuk kedalam tubuh manusia akan melawan sistem kekebalan tubuh individu. Jika kekebalan tubuh individu lebih kuat daripada virus maka individu akan tetap dalam keadaan sehat. Jika kekebalan individu melemah karena infeksi virus maka individu akan menjadi individu terinfeksi. Penyebaran infeksi virus merupakan salah satu penyebab kematian pada populasi. Mekanisme penularan virus dari individu terinfeksi kepada individu rentan sangatlah kompleks, sehingga dibangun model epidemik [2]. Model epidemik dapat digunakan untuk memprediksi perilaku virus dan mengendalikan penyebaran infeksi virus. Model epidemik yang pernah dikonstruksi adalah model epidemik multi-spesies yang dikonstruksi oleh Julien Arinot dkk. (2005) bertujuan untuk mengetahui penyebaran virus antar spesies di multi-lintasan. Namun model tersebut tidak memperhatikan penyebaran virus antar wilayah [3]. Model epidemik multi-infeksi, multi-grup yang dikonstruksi oleh Driessche dkk. (2002) bertujuan untuk mengetahui penyebaran virus pada suatu wilayah. Namun model tersebut tidak memperhatikan adanya penyebaran virus di lintasan [4]. Berbeda dengan penelitian sebelumnya, pada penelitian ini dikonstruksi model epidemik SEIR Multi-Wilayah Multi-Lintasan yang terdapat tiga model yaitu model pada wilayah satu, wilayah dua, dan lintasan yang menghubungkan dua wilayah. Model ini dikonstruksi karena masih adanya penyebaran infeksi virus pada suatu wilayah. Hal ini tidak hanya disebabkan oleh infeksi virus dari individu terinfeksi dalam wilayah yang sama dengan individu tersebut

tetapi juga disebabkan oleh individu terinfeksi dari wilayah lain karena adanya kontak badan saat bertemu disuatu wilayah atau saat diperjalanan. Pada model epidemik tersebut dicari $\mathcal{R}_0$ pada masing-masing model untuk mengetahui aliran penyebaran virus dengan menggunakan *next generation matrix*. Selain itu dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan dari sistem. Selanjutnya dilakukan penyelesaian numerik menggunakan metode Runge-Kutta orde-4 dan diilustrasikan menggunakan software MATLAB.

II. TINJAUAN PUSTAKA

A. Titik Keseimbangan

Titik setimbang adalah titik dimana sistem berada dalam keadaan setimbang.

Definisi 2.1

$\frac{dx}{dt} = f(x)$, $x \in \mathbb{R}^n$ Mempunyai solusi setimbang adalah titik $x^* \in \mathbb{R}^n$ yang memenuhi $f(x^*) = 0$ tidak berubah terhadap waktu atau konstan. Misalkan terdapat suatu sistem

$$\frac{dS}{dt} = f_1(S, E, I, R); \frac{dE}{dt} = f_2(S, E, I, R); \frac{dI}{dt} = f_3(S, E, I, R); \frac{dR}{dt} = f_4(S, E, I, R) \quad (2.1)$$

Sebuah solusi kesetimbangan dari sistem adalah sebuah titik $(S^*, E^*, I^*, R^*) \in \mathbb{R}^4$ yang memenuhi $f_1(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$, $f_2(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$, $f_3(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$, $f_4(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$, (S^*, E^*, I^*, R^*) disebut titik kritis atau titik kesetimbangan atau titik tetap dari Sistem (2.1). Titik setimbang merupakan solusi Sistem (2.1) yang bernilai konstan. Kumar, B. (2013).

B. Linierisasi

Linierisasi merupakan proses melinierkan sistem nonlinier menjadi sistem linier. Pendekatan linier dilakukan disekitar titik setimbang. Boyce, dkk. (2009)

$$\begin{bmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dE}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \\ \frac{dR}{dt} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial R} \end{bmatrix} (x^*) \begin{bmatrix} \dot{S} \\ \dot{E} \\ \dot{I} \\ \dot{R} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \zeta_1 \\ \zeta_2 \\ \zeta_3 \\ \zeta_4 \end{bmatrix}$$

C. Bilangan Reproduksi Dasar

Jika $\mathcal{R}_0 < 1$ maka setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan bersih dari populasi. Sebaliknya, jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru. Dalam keadaan endemik, dapat ditentukan suatu tindakan pengendalian dan besarnya nilai parameter yang tepat, sehingga $\mathcal{R}_0 < 1$. Sedangkan jika $\mathcal{R}_0 = 1$ maka terjadi bifurkasi yang dapat didefinisikan sebagai perubahan stabilitas yang diakibatkan oleh perubahan parameter. Driessche, dkk. (2002).

Didefinisikan $\mathcal{F}_i(x)$ adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen i , $\mathcal{V}_i(x)$ adalah laju dari transfer individu masuk dan keluar dari infeksi kompartemen. Dengan memenuhi

Lemma 2.1

Jika x_0 adalah titik kesetimbangan bebas penyakit dan $f_i(x)$ memenuhi asumsi 1-5, maka turunan $D\mathcal{F}(x_0)$ dan $D\mathcal{V}(x_0)$ adalah partisi sebagai berikut

$$D\mathcal{F}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, D\mathcal{V}(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix}$$

dengan F dan V adalah matriks berukuran $m \times m$ yang didefinisikan sebagai berikut

$$F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i(x_0)}{\partial x_j} \right], V = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i(x_0)}{\partial x_j} \right], \text{ dengan } 1 \leq i, j \leq m$$

Dengan F non negatif dan V merupakan M-matriks *non-singular*, dan semua nilai eigen dari J_3 dan J_4 adalah positif. Matriks generasi selanjutnya adalah $A = FV^{-1}$ dan angka reproduksi dasar dapat dituliskan sebagai

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \rho(A),$$

dengan $\rho(A)$ adalah *spectral radius* dari matriks A , yaitu maksimum modulus nilai eigen dari matriks A . Driessche, dkk. (2002).

Definisi 2.2

Matriks V merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika sebuah matriks V berukuran $n \times n$ menunjukkan bentuk $V = sI - B$, dengan $s > \rho(B)$ maksimum modulus dari nilai eigen B . Berman, dkk. (1979).

D. Fungsi Lipschitz

Fungsi *lipschitz* dilakukan bertujuan untuk mengetahui bahwa sistem memiliki penyelesaian tunggal dan ada. Selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan.

Definisi 2.2

Misalkan $A \subset \mathbb{R}$ dan $f: A \rightarrow \mathbb{R}$ disebut fungsi *Lipschitz* jika terdapat $K > 0$ sedemikian hingga:

$$\|f(x_1) - f(x_2)\| \leq K \|x_1 - x_2\|, \forall x_1, x_2 \in A$$

III. ANALISIS DAN PEMBAHASAN

A. Konstruksi Model Wilayah Satu

1. Model Wilayah Satu

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + b_2 S_1 \\ \frac{dE_1}{dt} &= \mu_1 \beta_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + b_2 E_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + b_2 R_1 \end{aligned}$$

Pada model wilayah satu terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *recovery* yang tidak hanya berasal dari wilayah satu melainkan juga dari wilayah dua. Diasumsikan sebelumnya bahwa individu dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu menjadi populasi di wilayah satu $s_2 \approx s_1$. Misalkan σ_1 adalah proporsi subpopulasi *susceptible* dari wilayah dua yang menjadi populasi di wilayah satu. Maka proporsi subpopulasi *susceptible* yang berasal dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu dan menjadi populasi di wilayah satu $b_2 S_2$ adalah $\sigma_1 S_1$. Misalkan σ_2 adalah proporsi subpopulasi *exposed* dari wilayah dua yang menjadi populasi di wilayah satu. Maka proporsi subpopulasi *exposed* yang berasal dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu dan menjadi populasi di wilayah satu $b_2 E_2$ adalah $\sigma_2 E_1$. Misalkan σ_3 adalah proporsi subpopulasi *recovery* dari wilayah dua yang menjadi populasi di wilayah satu. Maka proporsi subpopulasi *recovery* yang berasal dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu dan menjadi populasi di wilayah satu $b_2 R_2$ adalah $\sigma_3 R_1$. Oleh karena itu model menjadi

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1 \\ \frac{dE_1}{dt} &= \mu_1 \beta_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1 \end{aligned} \tag{3.1}$$

2. Model Wilayah Dua

$$\begin{aligned} \frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + b_1 S_2 \\ \frac{dE_2}{dt} &= \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - (d_2 + \gamma_2) E_2 - b_2 E_2 + b_1 E_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + b_1 R_2 \end{aligned}$$

Pada model wilayah satu terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *recovery* yang tidak hanya berasal dari wilayah dua melainkan juga dari wilayah satu. Diasumsikan sebelumnya bahwa individu dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua menjadi populasi di wilayah dua $s_1 \approx s_2$. Misalkan σ_4 adalah proporsi subpopulasi *susceptible* dari wilayah satu yang menjadi populasi di wilayah dua. Maka proporsi subpopulasi *susceptible* yang berasal dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua $b_1 S_1$ adalah $\sigma_4 S_2$. Misalkan σ_5 adalah proporsi subpopulasi *exposed* dari wilayah satu yang menjadi populasi di wilayah dua. Maka proporsi subpopulasi *exposed* yang berasal dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua $b_1 E_1$ adalah $\sigma_5 E_2$. Misalkan σ_6 adalah proporsi subpopulasi *recovery* dari wilayah satu yang menjadi populasi di wilayah dua. Maka proporsi subpopulasi *recovery* yang berasal dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua $b_2 R_2$ adalah $\sigma_6 R_2$.

$$\begin{aligned}
\frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2 \\
\frac{dE_2}{dt} &= \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - (d_2 + \gamma_2) E_2 - b_2 E_2 + \sigma_5 E_2 \\
\frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2 \\
\frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2
\end{aligned} \tag{3.2}$$

Kondisi awal :

$S_i(0) = S_{i(0)}$, $E_i(0) = E_{i(0)}$, $I_i(0) = I_{i(0)}$, $R_i(0) = R_{i(0)}$, dan $N_i(t) = S_i(t) + E_i(t) + I_i(t) + R_i(t)$.
dengan Λ_i adalah jumlah kelahiran pada wilayah i , d_i , γ_i , dan φ_i adalah *rate* kematian, *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected*, dan *rate* transisi individu *infected* menjadi individu *recovery* di wilayah i . b_2 adalah *rate travelling* dari wilayah dua ke wilayah satu, b_1 adalah *rate travelling* dari wilayah satu ke wilayah dua.

3. Model Pada Lintasan

$$\begin{aligned}
\frac{d(S_{ik})_j}{dt} &= (d_{ik})_j (N_{ik})_j - (d_{ik})_j (S_{ik})_j - \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (S_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (S_{ik})_j \\
\frac{d(E_{ik})_j}{dt} &= \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j - (d_{ik})_j (E_{ik})_j - (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (E_{ik})_j \\
\frac{d(I_{ik})_j}{dt} &= (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j - (d_{ik})_j (I_{ik})_j - (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j \\
\frac{d(R_{ik})_j}{dt} &= (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j - (d_{ik})_j (R_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (R_{ik})_j
\end{aligned} \tag{3.3}$$

dengan $i \neq k, p \neq q$

$i = 1, 2$ adalah banyaknya wilayah asal, $j = 1, 2$ adalah banyaknya lintasan, $k = 1, 2$ adalah banyaknya wilayah tujuan. Diberikan kondisi awal yaitu

$$\begin{aligned}
(S_{ik})_j(0) &= S_{(ik)j(0)}, & (E_{ik})_j(0) &= E_{(ik)j(0)}, & (I_{ik})_j(0) &= I_{(ik)j(0)}, & (R_{ik})_j(0) &= R_{(ik)j(0)} \\
(N_{ik})_j &= (S_{ik})_j + (E_{ik})_j + (I_{ik})_j + (R_{ik})_j \text{ dengan } N_j = ((N_{12})_1, (N_{12})_2, (N_{21})_1, (N_{21})_2)^T
\end{aligned}$$

maka

$$\frac{dN_j}{dt} = \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} ((S_{ik})_p + (E_{ik})_p + (R_{ik})_p) - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} ((S_{ik})_j + (E_{ik})_j + (R_{ik})_j) \tag{3.4}$$

Berdasarkan Persamaan (3.4) didapatkan sebuah matriks

$$A = \begin{bmatrix} -(b_{12})_{12} & (b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ (b_{12})_{12} & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{bmatrix}$$

dengan A adalah matriks non singular. Sehingga total populasi dari sistem (3.3) adalah konstan.

$(d_{ik})_j$, $(\gamma_{ik})_j$, $(\varphi_{ik})_j$ adalah *rate* kematian, *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected*, dan *rate* transisi individu *infected* menjadi individu *recovery* dari wilayah i menuju wilayah k melewati lintasan j . $(b_{ik})_{jp}$ adalah *rate travelling* dari wilayah i menuju wilayah k melewati lintasan j pindah ke lintasan p . Kelahiran dan kematian memiliki parameter yang sama karena dilintasan kelahiran dan kematian diabaikan.

B. Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar dapat digunakan untuk menunjukkan banyaknya infeksi baru yang disebabkan oleh individu terinfeksi. Untuk menghitung nilai dari R_0 didefinisikan $\mathcal{F}_i(x)$ adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen i , $\mathcal{V}_i^-(x)$ adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen i , $\mathcal{V}_i^+(x)$ adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen i .

1. Bilangan Reproduksi Dasar Pada Wilayah Satu

Pada sistem (3.1) didapatkan $\mathcal{F}_i = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4)^T$ dengan $\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4$ adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen E_1, I_1, R_1, S_1 .

$$\mathcal{F}_1 = \begin{pmatrix} \mathcal{F}_1 \\ \mathcal{F}_2 \\ \mathcal{F}_3 \\ \mathcal{F}_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Selain itu didapatkan $\mathcal{V}_i^-(x) = (\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-)^T$ dengan $\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-$ adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen E_1, I_1, R_1, S_1 .

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^- \\ \mathcal{V}_2^- \\ \mathcal{V}_3^- \\ \mathcal{V}_4^- \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (b_1 + d_1 + \gamma_1)E_1 \\ (d_1 + \varphi_1)I_1 \\ (d_1 + b_1)R_1 \\ (b_1 + d_1)S_1 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan $\mathcal{V}_i^+(x) = (\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+)^T$ dengan $\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+$ adalah laju dari perpindahan individu masuk dari kompartemen E_1, I_1, R_1, S_1 .

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^+ \\ \mathcal{V}_2^+ \\ \mathcal{V}_3^+ \\ \mathcal{V}_4^+ \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_2 E_1 \\ \gamma_1 E_1 \\ \varphi_1 I_1 + \sigma_3 R_1 \\ \sigma_1 S_1 + \Lambda_1 \end{pmatrix}$$

Berdasarkan persamaan sistem $\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x)$, $i = 1, \dots, n$ dengan $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$, Driessche, dkk. (2002) didapatkan

$$\mathcal{F}_1 = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_1 = \begin{pmatrix} (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)E_1 \\ (d_1 + \varphi_1)I_1 - \gamma_1 E_1 \\ (d_1 + b_1 - \sigma_3)R_1 - \varphi_1 I_1 \\ (b_1 + d_1 - \sigma_1)S_1 - \Lambda_1 \end{pmatrix}$$

$\mathcal{F}_i$ dan $\mathcal{V}_i$ memenuhi asumsi-asumsi Driessche, dkk. (2002). Berdasarkan asumsi-asumsi tersebut dapat diketahui bahwa populasi yang terinfeksi adalah E_1 dan I_1 maka $m = 2$. Dengan titik setimbang $(S^*, E^*, I^*, R^*) = \left(\frac{\Lambda_1}{(d_1 + b_1 - \sigma_1)}, 0, 0, 0 \right)$. Berdasarkan Lemma 2.1 maka didapatkan

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_1 \mu_1 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, V = \begin{pmatrix} b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2 & 0 \\ -\gamma_1 & d_1 + \varphi_1 \end{pmatrix}$$

dengan V merupakan M -matriks non-singular yang memenuhi Definisi 2.2 jika dan hanya jika sebuah matriks V berukuran 2×2 menunjukkan bentuk $V = sI - B$. Dimana $s > \rho(B)$ maksimum modulus dari nilai eigen B , dengan $s = \varphi_1 + (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)$ dan $B = \begin{pmatrix} \varphi_1 & 0 \\ \gamma_1 & b_1 + \gamma_1 - \sigma_2 \end{pmatrix}$

Didapatkan

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} & \frac{\beta_1 \mu_1}{(d_1 + \varphi_1)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Sehingga

$$\mathcal{R}_{01} = \rho(FV^{-1}) = \frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)}$$

2. Bilangan Reproduksi Dasar Pada Wilayah dua

Pada sistem (3.2) didapatkan $\mathcal{F}_i = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4)^T$ dengan $\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4$ adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen E_2, I_2, R_2, S_2 .

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \mathcal{F}_1 \\ \mathcal{F}_2 \\ \mathcal{F}_3 \\ \mathcal{F}_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Selain itu didapatkan $\mathcal{V}_i^-(x) = (\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-)^T$ dengan $\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-$ adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen E_2, I_2, R_2, S_2 .

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^- \\ \mathcal{V}_2^- \\ \mathcal{V}_3^- \\ \mathcal{V}_4^- \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (b_2 + d_2 + \gamma_2)E_2 \\ (d_2 + \varphi_2)I_2 \\ (d_2 + b_2)R_2 \\ (b_2 + d_2)S_2 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan $\mathcal{V}_i^+(x) = (\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+)^T$ dengan $\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+$ adalah laju dari perpindahan individu masuk dari kompartemen E_2, I_2, R_2, S_2 .

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^+ \\ \mathcal{V}_2^+ \\ \mathcal{V}_3^+ \\ \mathcal{V}_4^+ \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_5 E_2 \\ \gamma_2 E_2 \\ \varphi_2 I_2 + \sigma_6 R_2 \\ \sigma_4 S_2 + \Lambda_2 \end{pmatrix}$$

Berdasarkan persamaan sistem $\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x)$, $i = 1, \dots, n$ dengan $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$, Driessche,dkk. (2002) didapatkan

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_i = \begin{pmatrix} (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5) E_2 \\ (d_2 + \varphi_2) I_2 - \gamma_2 E_2 \\ (d_2 + b_2 - \sigma_6) R_2 - \varphi_2 I_2 \\ (b_2 + d_2 - \sigma_4) S_2 - \Lambda_2 \end{pmatrix}$$

$\mathcal{F}_i$ dan $\mathcal{V}_i$ memenuhi asumsi-asumsi Driessche,dkk. (2002). tersebut dapat diketahui bahwa populasi yang terinfeksi adalah E_1 dan I_1 maka $m = 2$. Dengan titik setimbang $(S^*, E^*, I^*, R^*) = \left(\frac{\Lambda_2}{(d_2 + b_2 - \sigma_4)}, 0, 0, 0 \right)$.

Berdasarkan Lemma 2.1 didapatkan

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_2 \mu_2 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \quad V = \begin{pmatrix} b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5 & 0 \\ -\gamma_2 & d_2 + \varphi_2 \end{pmatrix}$$

dengan V merupakan M -matriks non-singular yang memenuhi Definisi 2.2 jika dan hanya jika sebuah matriks V berukuran 2×2 menunjukkan bentuk $V = sI - B$. Dimana $s > \rho(B)$ maksimum modulus dari nilai eigen B , dengan $s = \varphi_2 + (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)$ dan $B = \begin{pmatrix} \varphi_2 & 0 \\ \gamma_2 & b_2 + \gamma_2 - \sigma_5 \end{pmatrix}$

Didapatkan

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} & \frac{\beta_2 \mu_2}{(d_2 + \varphi_2)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Sehingga

$$\mathcal{R}_{0_2} = \rho(FV^{-1}) = \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)}$$

3. Bilangan Reproduksi Dasar Pada Lintasan

Pada sistem (3.3) didapatkan $\mathcal{F}_i$ adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen.

$$\mathcal{F}_i = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4, \mathcal{F}_5, \mathcal{F}_6, \mathcal{F}_7, \mathcal{F}_8, \mathcal{F}_9, \mathcal{F}_{10}, \mathcal{F}_{11}, \mathcal{F}_{12}, \mathcal{F}_{13}, \mathcal{F}_{14}, \mathcal{F}_{15}, \mathcal{F}_{16})^T$$

Selain itu didapatkan $\mathcal{V}_i^-(x)$ adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen.

$$\mathcal{V}_i^-(x) = (\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-, \mathcal{V}_5^-, \mathcal{V}_6^-, \mathcal{V}_7^-, \mathcal{V}_8^-, \mathcal{V}_9^-, \mathcal{V}_{10}^-, \mathcal{V}_{11}^-, \mathcal{V}_{12}^-, \mathcal{V}_{13}^-, \mathcal{V}_{14}^-, \mathcal{V}_{15}^-, \mathcal{V}_{16}^-)^T$$

dan $\mathcal{V}_i^+(x)$ adalah laju dari perpindahan individu masuk dari kompartemen.

$$\mathcal{V}_i^+(x) = (\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+, \mathcal{V}_5^+, \mathcal{V}_6^+, \mathcal{V}_7^+, \mathcal{V}_8^+, \mathcal{V}_9^+, \mathcal{V}_{10}^+, \mathcal{V}_{11}^+, \mathcal{V}_{12}^+, \mathcal{V}_{13}^+, \mathcal{V}_{14}^+, \mathcal{V}_{15}^+, \mathcal{V}_{16}^+)^T$$

Berikut ini urutan dari elemen $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-(x), \mathcal{V}_i^+(x)$

$$(E_{12})_1, (E_{12})_2, (E_{21})_1, (E_{21})_2, (I_{12})_1, (I_{12})_2, (I_{21})_1, (I_{21})_2, (R_{12})_1, (R_{12})_2, (R_{21})_1, (R_{21})_2, (S_{12})_1, (S_{12})_2, (S_{21})_1, (S_{21})_2.$$

Berdasarkan persamaan sistem $\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x)$, $i = 1, \dots, n$ dengan $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$, didapatkan matriks $\mathcal{F}_i$ dan $\mathcal{V}_i(x)$ yang memenuhi asumsi-asumsi Driessche,dkk. (2002). Oleh karena itu dapat diketahui bahwa populasi yang terinfeksi adalah

$$(E_{12})_1, (E_{12})_2, (E_{21})_1, (E_{21})_2, (I_{12})_1, (I_{12})_2, (I_{21})_1, (I_{21})_2$$

maka $m = 8$ dengan titik setimbang $(E_{ij})_k, (I_{ij})_k = 0$. Berdasarkan Lemma 2.1 didapatkan matriks F dan V dengan melakukan urutan linierisasi dari variable infected sebagai berikut

$$(E_{12})_1, (E_{12})_2, (E_{21})_1, (E_{21})_2, (I_{12})_1, (I_{12})_2, (I_{21})_1, (I_{21})_2$$

Pada matriks F dan V dilakukan partisi sebagai berikut

$$F = \begin{bmatrix} 0 & : & E \\ \vdots & : & \vdots \\ 0 & : & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } V = \begin{bmatrix} A & : & 0 \\ \vdots & : & \vdots \\ -C & : & D \end{bmatrix}$$

dengan $C = \text{matriks diag}(\gamma_{ik})_j$ dan $D = \text{matriks diag}((d_{ik})_j + (\varphi_{ik})_j)$.

Telah ditunjukkan bahwa V adalah M -matriks non-singular yang memenuhi Definisi 2.2. Selanjutnya didapatkan

maka

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} A^{-1} & \vdots & 0 \\ \dots & \vdots & \dots \\ D^{-1}C & A^{-1} & D^{-1} \end{bmatrix}$$

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} ED^{-1}C & A^{-1} & ED^{-1} \\ \dots & \vdots & \dots \\ 0 & \vdots & 0 \end{bmatrix}$$

Sehingga didapatkan $\mathcal{R}_{03} = \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4c}}{2}$, dengan

$$b = - \left(\frac{\sum_{j,p=1}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) (\gamma_{12})_p}{(w)(\prod_{j=1}^2 (d_{12})_j + (\varphi_{12})_j)} \right) \beta_1 \mu_1$$

$$- \left(\frac{\sum_{j,p=1}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j) (\gamma_{21})_p}{(z)(\prod_{j=1}^2 (d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)} \right) \beta_2 \mu_2$$

dan

$$c = \frac{\prod_{j,p=1}^2 (\gamma_{12})_p \left(\prod_{j,p=1}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) - \prod_{j,p=1}^2 (b_{12})_{jp} \right) \beta_1^2 \mu_1^2}{(w)^2 (\prod_{j=1}^2 (d_{12})_j + (\varphi_{12})_j)}$$

$$+ \frac{\prod_{j,p=1}^2 (\gamma_{21})_p \left(\prod_{j,p=1}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) - \prod_{j,p=1}^2 (b_{21})_{jp} \right) \beta_2^2 \mu_2^2}{(z)^2 (\prod_{j=1}^2 (d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)}$$

$$+ \frac{\prod_{i,k=1}^2 (\gamma_{ik})_i \left(\prod_{i,k=1}^2 ((d_{ik})_k + (\gamma_{ik})_k + (b_{ik})_{ki}) - \prod_{i,k=1}^2 (b_{ik})_{ki} \right) \beta_1 \beta_2 \mu_1 \mu_2}{(z)(w) \left(\prod_{i,k=1}^2 (d_{ik})_i + (\varphi_{ik})_i \right)}$$

$$+ \frac{\prod_{i,k=1}^2 (\gamma_{ik})_k \left(\prod_{i,k=1}^2 ((d_{ik})_i + (\gamma_{ik})_i + (b_{ik})_{ik}) - \prod_{i,k=1}^2 (b_{ik})_{ik} \right) \beta_1 \beta_2 \mu_1 \mu_2}{(z)(w) \left(\prod_{i,k=1}^2 (d_{ik})_k + (\varphi_{ik})_k \right)}$$

dengan

$$(w) = \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) - (b_{12})_{21} (b_{12})_{12}$$

$$(z) = \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) - (b_{21})_{21} (b_{21})_{12}$$

C. Eksistensi dan Ketunggalan

Analisis ini bertujuan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian tunggal dan ada. Selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan. Sebelum dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan dilakukan reduksi terlebih dahulu pada Sistem. Reduksi dilakukan dalam rangka untuk menekankan terjadinya evolusi model pada subpopulasi yang diamati.

1. Eksistensi dan Ketunggalan Pada Wilayah Satu

Persamaan Sistem (3.1) setelah direduksi menjadi

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 - d_1 S_1 - (1 - p_1) S_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1$$

$$\frac{dE_1}{dt} = p_1 E_1 - (d_1 + (1 - q_1)) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1$$

$$\frac{dI_1}{dt} = q_1 I_1 - d_1 I_1 - (1 - u_1) I_1 \quad (3.5)$$

$$\frac{dR_1}{dt} = u_1 R_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1$$

Terdapat konstanta *Lipschitz* $k(t)$ yang memenuhi

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap $t \in R$.

Bukti :

Misalkan sistem berbentuk $\frac{dX(t)}{dt} = f(X(t), t)$, $X(0) = X_0$, dengan $X \in \mathbb{R}^4$ dan $t \in R$.

$$\frac{dX}{dt} = f(X(t), t)$$

atau dapat ditulis

$$\frac{dS_1}{dt} = f(S_1(t), t); \frac{dE_1}{dt} = f(E_1(t), t); \frac{dI_1}{dt} = f(I_1(t), t); \frac{dR_1}{dt} = f(R_1(t), t).$$

Misalkan terdapat elemen-elemen pada himpunan X kontinu sebagian demi sebagian.

$$S_1 = (S_1^1, S_1^2), E_1 = (E_1^1, E_1^2), I_1 = (I_1^1, I_1^2), R_1 = (R_1^1, R_1^2)$$

maka akan terdapat $f(X^1(t), t)$ dan $f(X^2(t), t)$ dengan

$$X^1 = \{S_1^1, E_1^1, I_1^1, R_1^1\}$$

$$X^2 = \{S_1^2, E_1^2, I_1^2, R_1^2\}$$

Selanjutnya akan dicari nilai dari $k(t)$ yang merupakan konstanta *Lipschitz* yang memenuhi bentuk berikut

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} \text{ dinyatakan sebagai } a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}, \text{ dengan } i = 1, 2, 3, 4, \text{ maka}$$

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1}\| \quad (3.6)$$

atau

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|, \text{ dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

Susceptible

$$a_{11} = f(S_1^1(t), t) - f(S_1^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.6) maka didapatkan

$$\|a_{11}\| = \|(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2)\| \quad (3.7)$$

Exposed

$$a_{21} = f(E_1^1(t), t) - f(E_1^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.6) maka didapatkan

$$\|a_{21}\| = \|(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2)\| \quad (3.8)$$

Infected

$$a_{31} = f(I_1^1(t), t) - f(I_1^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.6) maka didapatkan

$$\|a_{31}\| = \|(q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2)\| \quad (3.9)$$

Recovery

$$a_{41} = f(R_1^1(t), t) - f(R_1^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.6) maka didapatkan

$$\|a_{41}\| = \|(u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2)\| \quad (3.10)$$

Selanjutnya Persamaan (3.7) – (3.10) dibentuk norm sebagai berikut.

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1}\|$$

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|, \text{ dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$\begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \\ (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \\ (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{Bmatrix}$$

atau

$$\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$\begin{aligned} |a_{11}| &= |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|(|S_1^1 - S_1^2|) \\ |a_{21}| &= |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|(|E_1^1 - E_1^2|) \\ |a_{31}| &= |(q_1 - d_1 - (1 - u_1))|(|I_1^1 - I_1^2|) \\ |a_{41}| &= |(u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)|(|R_1^1 - R_1^2|) \end{aligned}$$

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \\ (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \\ (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq \max \{ |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|, \\ |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \} \left\| \begin{pmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \\ (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \\ (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k(t) \left\| \begin{pmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k(t) = \max \{ |\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1|, |p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\sigma_1)_{maks} - (d_1 + (1 - p_1) + b_1)_{min}|, |(p_1 + \sigma_2)_{maks} - (d_1 + (1 - q_1) + b_1)_{min}|, |(q_1)_{maks} - (d_1 + (1 - u_1))_{min}|, |(u_1 + \sigma_3)_{maks} - (d_1 + b_1)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\sigma_1)_{min} - (d_1 + (1 - p_1) + b_1)_{maks}|, |(p_1 + \sigma_2)_{min} - (d_1 + (1 - q_1) + b_1)_{maks}|, |(q_1)_{min} - (d_1 + (1 - u_1))_{maks}|, |(u_1 + \sigma_3)_{min} - (d_1 + b_1)_{maks}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan *konstanta Lipschitz* $k(t)$ dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* dapat menyebarkan virus pada populasi di wilayah satu. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil *konstanta Lipschitz* $k(t) = |(q_1)_{maks} - (d_1 + (1 - u_1))_{min}|$ maka penyebaran virus dalam wilayah satu sangat luas. Jika $(q_1)_{maks}$ dan $(d_1 + (1 - u_1))_{min}$ maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* yang menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* transisi individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi S_1, E_1, I_1, R_1 di wilayah satu.

2. Eksistensi dan Ketunggalan Pada Wilayah dua

Persamaan Sistem (3.2) setelah direduksi menjadi

$$\begin{aligned} \frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 - d_2 S_2 - (1 - p_2) S_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2 \\ \frac{dE_2}{dt} &= p_2 E_2 - (d_2 + (1 - q_2)) E_2 - b_2 E_2 + \sigma_5 E_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= q_2 I_2 - d_2 I_2 - (1 - u_2) I_2 \end{aligned} \quad (3.11)$$

$$\frac{dR_2}{dt} = u_2 R_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2$$

Terdapat konstanta *Lipschitz* $k(t)$ yang memenuhi

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap $t \in R$.

Bukti :

Misalkan sistem berbentuk $\frac{dX(t)}{dt} = f(X(t), t)$, $X(0) = X_0$, dengan $X \in \mathbb{R}^4$ dan $t \in R$.

$$\frac{dX}{dt} = f(X(t), t)$$

atau dapat ditulis

$$\frac{dS_2}{dt} = f(S_2(t), t); \frac{dE_2}{dt} = f(E_2(t), t); \frac{dI_2}{dt} = f(I_2(t), t); \frac{dR_2}{dt} = f(R_2(t), t).$$

Misalkan terdapat elemen-elemen pada himpunan X kontinu sebagian demi sebagian.

$$S_2 = (S_2^1, S_2^2), E_2 = (E_2^1, E_2^2), I_2 = (I_2^1, I_2^2), R_1 = (R_2^1, R_2^2)$$

maka akan terdapat $f(X^1(t), t)$ dan $f(X^2(t), t)$ dengan

$$X^1 = \{S_2^1, E_2^1, I_2^1, R_2^1\}$$

$$X^2 = \{S_2^2, E_2^2, I_2^2, R_2^2\}$$

Selanjutnya akan dicari nilai dari $k(t)$ yang merupakan konstanta *Lipschitz* yang memenuhi bentuk berikut

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} \text{ dinyatakan sebagai } a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}, \text{ dengan } i = 1, 2, 3, 4, \text{ maka}$$

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1}\| \quad (3.12)$$

atau

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|, \text{ dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

Susceptible

$$a_{11} = f(S_2^1(t), t) - f(S_2^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.12) maka didapatkan

$$\|a_{11}\| = \|(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2)\| \quad (3.13)$$

Exposed

$$a_{21} = f(E_2^1(t), t) - f(E_2^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.12) maka didapatkan

$$\|a_{21}\| = \|(p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2)\| \quad (3.14)$$

Infected

$$a_{31} = f(I_2^1(t), t) - f(I_2^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.12) maka didapatkan

$$\|a_{31}\| = \|(q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2)\| \quad (3.15)$$

Recovery

$$a_{41} = f(R_2^1(t), t) - f(R_2^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.12) maka didapatkan

$$\|a_{41}\| = \|(u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2)\| \quad (3.16)$$

Selanjutnya Persamaan (3.13) – (3.16) dibentuk norm sebagai berikut.

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1}\|$$

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|, \text{ dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$\begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2) \\ (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2) \\ (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2) \end{Bmatrix}$$

atau

$$\begin{aligned} \|b_{i1}\| &= \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}| \\ |a_{11}| &= |(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)|(|S_2^1 - S_2^2|) \\ |a_{21}| &= |(p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)|(|E_2^1 - E_2^2|) \\ |a_{31}| &= |(q_2 - d_2 - (1 - u_2))|(|I_2^1 - I_2^2|) \\ |a_{41}| &= |(u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)|(|R_2^1 - R_2^2|) \\ \left\| \begin{pmatrix} (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2) \\ (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2) \\ (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\| &\leq \max\{|\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2|, \\ &|p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|, |q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\} \left\| \begin{pmatrix} (S_2^1 - S_2^2) \\ (E_2^1 - E_2^2) \\ (I_2^1 - I_2^2) \\ (R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\| \end{aligned}$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2) \\ (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2) \\ (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k(t) \left\| \begin{pmatrix} (S_2^1 - S_2^2) \\ (E_2^1 - E_2^2) \\ (I_2^1 - I_2^2) \\ (R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k(t) = \max\{|\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|, |q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\sigma_4)_{maks} - (d_2 + (1 - p_2) + b_2)_{min}|, |(p_2 + \sigma_5)_{maks} - (d_2 + (1 - q_2) + b_2)_{min}|, |(q_2)_{maks} - (d_2 + (1 - u_2))_{min}|, |(u_2 + \sigma_6)_{maks} - (d_2 + b_2)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\sigma_4)_{min} - (d_2 + (1 - p_2) + b_2)_{maks}|, |(p_2 + \sigma_5)_{min} - (d_2 + (1 - q_2) + b_2)_{maks}|, |(q_2)_{min} - (d_2 + (1 - u_2))_{maks}|, |(u_2 + \sigma_6)_{min} - (d_2 + b_2)_{maks}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz* $k(t)$ dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* dapat menyebarkan virus pada populasi di wilayah dua. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz* $k(t) = |(q_2)_{maks} - (d_2 + (1 - u_2))_{min}|$ maka penyebaran virus dalam wilayah dua sangat luas. Jika $(q_2)_{maks}$ dan $(d_2 + (1 - u_2))_{min}$ maka yang terjadi rate individu *exposed* yang menjadi individu *infected* lebih besar daripada rate kematian individu *infected* dan rate individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi S_2, E_2, I_2, R_2 di wilayah dua.

3. Eksistensi dan Ketunggalan Pada Lintasan

Persamaan Sistem (3.3) setelah direduksi menjadi

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_1}{dt} &= \lambda_1(S_{12})_1 + \lambda_2(S_{12})_1 + \lambda_3(S_{12})_1 - (1 - (p_{12})_1)(S_{12})_1 - (1 - (q_{12})_1)(S_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \\ &\quad - (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\frac{d(S_{12})_2}{dt} &= \lambda_4(S_{12})_2 + \lambda_5(S_{12})_2 + \lambda_6(S_{12})_2 - (1 - (p_{12})_2)(S_{12})_2 - (1 - (q_{12})_2)(S_{12})_2 - (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \\
&\quad + (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \\
\frac{d(S_{21})_1}{dt} &= \lambda_7(S_{21})_1 + \lambda_8(S_{21})_1 + \lambda_9(S_{21})_1 - (1 - (p_{21})_1)(S_{21})_1 - (1 - (q_{21})_1)(S_{21})_1 - (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \\
&\quad + (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \\
\frac{d(S_{21})_2}{dt} &= \lambda_{10}(S_{21})_2 + \lambda_{11}(S_{21})_2 + \lambda_{12}(S_{21})_2 - (1 - (p_{21})_2)(S_{21})_2 - (1 - (q_{21})_2)(S_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \\
&\quad - (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \\
\frac{d(E_{12})_1}{dt} &= (p_{12})_1(E_{12})_1 + (q_{12})_1(E_{12})_1 - (d_{12})_1(E_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)(E_{12})_1 + (b_{12})_{21}(E_{12})_2 - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\
\frac{d(E_{12})_2}{dt} &= (p_{12})_2(E_{12})_2 + (q_{12})_2(E_{12})_2 - (d_{12})_2(E_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)(E_{12})_2 + (b_{12})_{12}(E_{12})_1 - (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\
\frac{d(E_{21})_1}{dt} &= (p_{21})_1(E_{21})_1 + (q_{21})_1(E_{21})_1 - (d_{21})_1(E_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)(E_{21})_1 + (b_{21})_{21}(E_{21})_2 - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\
\frac{d(E_{21})_2}{dt} &= (p_{21})_2(E_{21})_2 + (q_{21})_2(E_{21})_2 - (d_{21})_2(E_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)(E_{21})_2 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 + (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\
\frac{d(I_{12})_1}{dt} &= (r_{12})_1(I_{12})_1 - (d_{12})_1(I_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)(I_{12})_1 \\
\frac{d(I_{12})_2}{dt} &= (r_{12})_2(I_{12})_2 - (d_{12})_2(I_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)(I_{12})_2 \\
\frac{d(I_{21})_1}{dt} &= (r_{21})_1(I_{21})_1 - (d_{21})_1(I_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)(I_{21})_1 \\
\frac{d(I_{21})_2}{dt} &= (r_{21})_2(I_{21})_2 - (d_{21})_2(I_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)(I_{21})_2 \\
\frac{d(R_{12})_1}{dt} &= (u_{12})_1(R_{12})_1 - (d_{12})_1(R_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2 - (b_{12})_{12}(R_{12})_1 \\
\frac{d(R_{12})_2}{dt} &= (u_{12})_2(R_{12})_2 - (d_{12})_2(R_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1 - (b_{12})_{21}(R_{12})_2 \\
\frac{d(R_{21})_1}{dt} &= (u_{21})_1(R_{21})_1 - (d_{21})_1(R_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2 - (b_{21})_{12}(R_{21})_1 \\
\frac{d(R_{21})_2}{dt} &= (u_{21})_2(R_{21})_2 - (d_{21})_2(R_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1 - (b_{21})_{21}(R_{21})_2
\end{aligned}$$

Terdapat konstanta *Lipschitz* $k(t)$ yang memenuhi

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t)\|X^1 - X^2\|$$

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap $t \in R$.

Bukti :

Misalkan sistem berbentuk $\frac{dX(t)}{dt} = f(X(t), t)$, $X(0) = X_0$, dengan $X \in \mathbb{R}^4$ dan $t \in R$.

$$\frac{dX}{dt} = f(X(t), t)$$

atau dapat ditulis

$$\frac{d(S_{12})_1}{dt} = f((S_{12})_1(t), t); \frac{d(S_{12})_2}{dt} = f((S_{12})_2(t), t); \frac{d(S_{21})_1}{dt} = f((S_{21})_1(t), t); \frac{d(S_{21})_2}{dt} = f((S_{21})_2(t), t);$$

$$\frac{d(E_{12})_1}{dt} = f((E_{12})_1(t), t); \frac{d(E_{12})_2}{dt} = f((E_{12})_2(t), t); \frac{d(E_{21})_1}{dt} = f((E_{21})_1(t), t); \frac{d(E_{21})_2}{dt} = f((E_{21})_2(t), t);$$

$$\frac{d(I_{12})_1}{dt} = f((I_{12})_1(t), t); \frac{d(I_{12})_2}{dt} = f((I_{12})_2(t), t); \frac{d(I_{21})_1}{dt} = f((I_{21})_1(t), t); \frac{d(I_{21})_2}{dt} = f((I_{21})_2(t), t);$$

$$\frac{d(R_{12})_1}{dt} = f((R_{12})_1(t), t); \frac{d(R_{12})_2}{dt} = f((R_{12})_2(t), t); \frac{d(R_{21})_1}{dt} = f((R_{21})_1(t), t); \frac{d(R_{21})_2}{dt} = f((R_{21})_2(t), t);$$

Selanjutnya dikelompokkan berdasarkan keadaan individu dilintasan menjadi empat total subpopulasi yaitu subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, *recovery* di lintasan sebagai berikut.

a. Total subpopulasi *susceptible*

$$f(S(t), t) = f((S_{12})_1(t), t) + f((S_{12})_2(t), t) + f((S_{21})_1(t), t) + f((S_{21})_2(t), t)$$

maka

$$f(S(t), t) = (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1))((s_{12})_1) +$$

$$(\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((s_{12})_2) +$$

$$(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((s_{21})_1) +$$

$$(\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))((s_{21})_2)$$

b. Total subpopulasi *exposed*

$$f(E(t), t) = f((E_{12})_1(t), t) + f((E_{12})_2(t), t) + f((E_{21})_1(t), t) + f((E_{21})_2(t), t)$$

maka

$$f(E(t), t) = ((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))((E_{12})_1) +$$

$$((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2) +$$

$$((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1) +$$

$$((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))((E_{21})_2)$$

c. Total subpopulasi *infected*

$$f(I(t), t) = f((I_{12})_1(t), t) + f((I_{12})_2(t), t) + f((I_{21})_1(t), t) + f((I_{21})_2(t), t)$$

maka

$$f(I(t), t) = ((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))((I_{12})_1) +$$

$$((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2) +$$

$$((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1) +$$

$$((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))((I_{21})_2)$$

d. Total subpopulasi *recovery*

$$f(R(t), t) = f((R_{12})_1(t), t) + f((R_{12})_2(t), t) + f((R_{21})_1(t), t) + f((R_{21})_2(t), t)$$

maka

$$f(R(t), t) = ((u_{12})_1 - (d_{12})_1)((R_{12})_1) + ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2)$$

$$((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1) + ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2)$$

Misalkan terdapat elemen-elemen pada himpunan X kontinu sebagian demi sebagian.

$$(S_{12})_1 = ((S_{12})_1^1, (S_{12})_1^2); (S_{12})_2 = ((S_{12})_2^1, (S_{12})_2^2); (S_{21})_1 = ((S_{21})_1^1, (S_{21})_1^2); (S_{21})_2 = ((S_{21})_2^1, (S_{21})_2^2);$$

$$(E_{12})_1 = ((E_{12})_1^1, (E_{12})_1^2); (E_{12})_2 = ((E_{12})_2^1, (E_{12})_2^2); (E_{21})_1 = ((E_{21})_1^1, (E_{21})_1^2); (E_{21})_2 = ((E_{21})_2^1, (E_{21})_2^2);$$

$$(I_{12})_1 = ((I_{12})_1^1, (I_{12})_1^2); (I_{12})_2 = ((I_{12})_2^1, (I_{12})_2^2); (I_{21})_1 = ((I_{21})_1^1, (I_{21})_1^2); (I_{21})_2 = ((I_{21})_2^1, (I_{21})_2^2);$$

$$(R_{12})_1 = ((R_{12})_1^1, (R_{12})_1^2); (R_{12})_2 = ((R_{12})_2^1, (R_{12})_2^2); (R_{21})_1 = ((R_{21})_1^1, (R_{21})_1^2); (R_{21})_2 = ((R_{21})_2^1, (R_{21})_2^2);$$

maka akan terdapat $f(X^1(t), t)$ dan $f(X^2(t), t)$ dengan

$$X^1 = \{ (S_{12})_1^1, (S_{12})_1^2, (S_{21})_1^1, (S_{21})_1^2, (E_{12})_1^1, (E_{12})_1^2, (E_{21})_1^1, (E_{21})_1^2, (I_{12})_1^1, (I_{12})_1^2, (I_{21})_1^1, (I_{21})_1^2, (R_{12})_1^1, \\ (R_{12})_1^2, (R_{21})_1^1, (R_{21})_1^2 \}$$

$$X^2 = \{ (S_{12})_2^1, (S_{12})_2^2, (S_{21})_2^1, (S_{21})_2^2, (E_{12})_2^1, (E_{12})_2^2, (E_{21})_2^1, (E_{21})_2^2, (I_{12})_2^1, (I_{12})_2^2, (I_{21})_2^1, (I_{21})_2^2, (R_{12})_2^1, \\ (R_{12})_2^2, (R_{21})_2^1, (R_{21})_2^2 \}$$

Selanjutnya akan dicari nilai dari $k(t)$ yang merupakan konstanta *Lipschitz* yang memenuhi bentuk berikut

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| \text{ dinyatakan sebagai } a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}, \text{ dengan } i = 1, 2, 3, 4, \text{ maka}$$

$$\left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| = \|b_{i1} + c_{i1} + d_{i1} + e_{i1}\|, \text{ dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

atau

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\| + \|d_{i1}\| + \|e_{i1}\| \quad (3.17)$$

Susceptible

$$a_{11} = f(S^1(t), t) - f(S^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.17) maka didapatkan

$$\|a_{11}\| \leq \begin{aligned} & \|(\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1))((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2)\| + \\ & \|(\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((S_{12})_2^1 - (S_{12})_2^2)\| + \\ & \|(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2)\| + \\ & \|(\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))((S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2)\| \end{aligned}$$

Exposed

$$a_{21} = f(E^1(t), t) - f(E^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.17) maka didapatkan

$$\|a_{21}\| \leq \begin{aligned} & \|((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2)\| + \\ & \|((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2)\| + \\ & \|((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2)\| + \\ & \|((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2)\| \end{aligned}$$

Infected

$$a_{31} = f(I^1(t), t) - f(I^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.17) maka didapatkan

$$\|a_{31}\| \leq \begin{aligned} & \|((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2)\| + \\ & \|((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2)\| + \\ & \|((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2)\| + \\ & \|((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2)\| \end{aligned}$$

Recovery

$$a_{41} = f(R^1(t), t) - f(R^2(t), t)$$

Menggunakan ketentuan (3.17) maka didapatkan

$$\|a_{41}\| \leq \begin{aligned} & \|((u_{12})_1 - (d_{12})_1)((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2)\| + \\ & \|((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2)\| + \\ & \|((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2)\| + \\ & \|((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2)\| \end{aligned}$$

Selanjutnya dibentuk norm sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \left\| \begin{array}{c} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{array} \right\| &= \|b_{i1} + c_{i1} + d_{i1} + e_{i1}\| \\ \left\| \begin{array}{c} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{array} \right\| &\leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\| + \|d_{i1}\| + \|e_{i1}\|, \end{aligned}$$

dengan $\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$ maka

$$\begin{aligned} \left\| \begin{array}{c} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{array} \right\| &\leq k_1(t) \left\| \begin{array}{c} ((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2) \\ ((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) \\ ((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) \\ ((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) \end{array} \right\| + k_2(t) \left\| \begin{array}{c} ((S_{12})_2^1 - (S_{12})_2^2) \\ ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{array} \right\| + k_3(t) \left\| \begin{array}{c} ((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2) \\ ((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) \\ ((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) \\ ((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) \end{array} \right\| \\ &\quad + k_4(t) \left\| \begin{array}{c} ((S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2) \\ ((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2) \\ ((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2) \\ ((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2) \end{array} \right\| \end{aligned}$$

Dengan

1. $k_1(t)$ merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah satu menuju wilayah dua melalui lintasan satu, dengan

$$\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$|b_{11}| = |\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|(|(S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2|)$$

$$|b_{21}| = |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|(|(E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2|)$$

$$|b_{31}| = |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|(|(I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2|)$$

$$|b_{41}| = |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|(|(R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2|)$$

maka

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1) \\ (p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1) \\ (r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1) \\ ((u_{12})_1 - (d_{12})_1) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} (S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2 \\ (E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2 \\ (I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2 \\ (R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2 \end{pmatrix} \right\| \leq k_1(t) \left\| \begin{pmatrix} (S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2 \\ (E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2 \\ (I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2 \\ (R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2 \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_1(t) = \max\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|, |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|,$$

$$|(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|, |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ \left| (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3)_{\max} - ((1 - (p_{12})_1) + (1 - (q_{12})_1))_{\min} \right|, \left| ((p_{12})_1 + (q_{12})_1)_{\max} - ((d_{12})_1 + (1 - (r_{12})_1))_{\min} \right|, \left| ((r_{12})_1)_{\max} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{\min} \right|, \left| ((u_{12})_1)_{\max} - ((d_{12})_1)_{\min} \right| \right\}$$

atau

$$\left\{ \left| (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3)_{\min} - ((1 - (p_{12})_1) + (1 - (q_{12})_1))_{\max} \right|, \left| ((p_{12})_1 + (q_{12})_1)_{\min} - ((d_{12})_1 + (1 - (r_{12})_1))_{\max} \right|, \left| ((r_{12})_1)_{\min} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{\max} \right|, \left| ((u_{12})_1)_{\min} - ((d_{12})_1)_{\max} \right| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz* $k_1(t)$ dilakukan berdasarkan asumsi bahwa Individu *infected* pada lintasan satu dari wilayah satu ke wilayah dua dapat menyebarkan virus dilintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz* $k_1(t) = \left| ((r_{12})_1)_{\max} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{\min} \right|$ maka penyebaran virus di lintasan satu sangat luas. Jika $((r_{12})_1)_{\max}$ dan $((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{\min}$ maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi $(S_{12})_1, (E_{12})_1, (I_{12})_1, (R_{12})_1$ di lintasan satu.

2. $k_2(t)$ merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah satu menuju wilayah dua melalui lintasan dua, dengan

$$\|c_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |c_{ij}|$$

$$|c_{11}| = |\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|(|(s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2|)$$

$$|c_{21}| = |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|(|(E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2|)$$

$$|c_{31}| = |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|(|(I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2|)$$

$$|c_{41}| = |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|(|(R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2|)$$

maka

$$\left\| \begin{pmatrix} (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) \\ ((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k_2(t) \left\| \begin{pmatrix} ((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) \\ ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_2(t) = \max\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|, |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, \\ |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|, |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6)_{\max} - ((1 - (p_{12})_2) + (1 - (q_{12})_2))_{\min}|, |((p_{12})_2 + (q_{12})_2)_{\max} - ((d_{12})_2 + (1 - (r_{12})_2))_{\min}|, \right. \\ \left. |((r_{12})_2)_{\max} - ((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{\min}|, |((u_{12})_2)_{\max} - ((d_{12})_2)_{\min}| \right\}$$

maka

$$\left\{ |(\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6)_{\min} - ((1 - (p_{12})_2) + (1 - (q_{12})_2))_{\max}|, |((p_{12})_2 + (q_{12})_2)_{\min} - ((d_{12})_2 + (1 - (r_{12})_2))_{\max}|, \right. \\ \left. |((r_{12})_2)_{\min} - ((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{\max}|, |((u_{12})_2)_{\min} - ((d_{12})_2)_{\max}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz* $k_2(t)$ dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* di lintasan dua dari wilayah satu ke dua dapat menyebarkan virus pada populasi di lintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz* $k_2(t) = |((r_{12})_2)_{\max} - ((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{\min}|$ maka penyebaran virus di lintasan dua sangat luas. Jika $((r_{12})_2)_{\max}$ dan $((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{\min}$ maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi $(S_{12})_2, (E_{12})_2, (I_{12})_2, (R_{12})_2$ di lintasan dua.

3. $k_3(t)$ merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah dua menuju wilayah satu melalui lintasan satu, dengan

$$\|d_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |d_{ij}|$$

$$|d_{11}| = |\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2)|$$

$$|d_{21}| = |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2)|$$

$$|d_{31}| = |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2)|$$

$$|d_{41}| = |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2)|$$

maka

$$\left\| \begin{pmatrix} (\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2) \\ ((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) \\ ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) \\ ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k_3(t) \left\| \begin{pmatrix} ((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2) \\ ((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) \\ ((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) \\ ((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_3(t) = \max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|, |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, \\ |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|, |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9)_{maks} - ((1 - (p_{21})_1) + (1 - (q_{21})_1))_{min}|, |((p_{21})_1 + (q_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (r_{21})_1))_{min}|, |((r_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min}|, |((u_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9)_{min} - ((1 - (p_{21})_1) + (1 - (q_{21})_1))_{maks}|, |((p_{21})_1 + (q_{21})_1)_{min} - ((d_{21})_1 + (1 - (r_{21})_1))_{maks}|, |((r_{21})_1)_{min} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{maks}|, |((u_{21})_1)_{min} - ((d_{21})_1)_{maks}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz* $k_3(t)$ dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* di lintasan satu dari wilayah dua ke satu dapat menyebarkan virus pada populasi di lintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz* $k_3(t) = |((r_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min}|$ maka penyebaran virus di lintasan satu sangat luas. Jika $((r_{21})_1)_{maks}$ dan $((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min}$ maka yang terjadi *rate* individu *exposed* yang menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi $(S_{21})_1, (E_{21})_1, (I_{21})_1, (R_{21})_1$ di lintasan satu.

4. $k_4(t)$ merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah dua menuju wilayah satu melalui lintasan dua, dengan

$$\|e_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |e_{ij}|$$

$$|e_{11}| = |\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|(|(S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2|)$$

$$|e_{21}| = |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|(|(E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2|)$$

$$|e_{31}| = |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|(|(I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2|)$$

$$|e_{41}| = |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|(|(R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2|)$$

maka

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2) \\ (p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2) \\ (r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2) \\ (u_{21})_2 - (d_{21})_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} |(S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2| \\ |(E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2| \\ |(I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2| \\ |(R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2| \end{pmatrix} \right\| \leq k_4(t) \left\| \begin{pmatrix} |(S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2| \\ |(E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2| \\ |(I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2| \\ |(R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2| \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_4(t) = maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12})_{maks} - ((1 - (p_{21})_2) + (1 - (q_{21})_2))_{min}|, |((p_{21})_2 + (q_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (r_{21})_2))_{min}|, |((r_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min}|, |((u_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12})_{maks} - ((1 - (p_{21})_2) + (1 - (q_{21})_2))_{min}|, |((p_{21})_2 + (q_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (r_{21})_2))_{min}|, |((r_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min}|, |((u_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2)_{min}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz* $k_4(t)$ dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* di lintasan dua dari wilayah dua menuju wilayah satu dapat menyebarkan virus pada populasi di lintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz* $k_4(t) =$

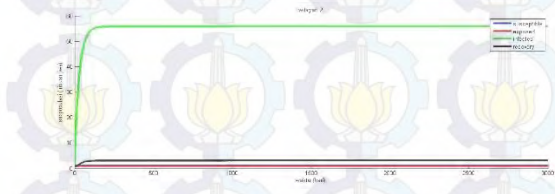
$|((r_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min}|$ maka penyebaran virus di lintasan dua sangat luas. Jika $((r_{21})_2)_{maks}$ dan $((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min}$ maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi $(S_{21})_2, (E_{21})_2, (I_{21})_2, (R_{21})_2$ di lintasan dua.

4. Simulasi dan Analisis

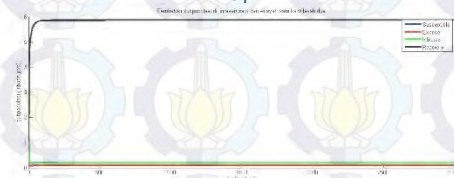
a. Ketika wilayah satu dan dua dalam keadaan endemik



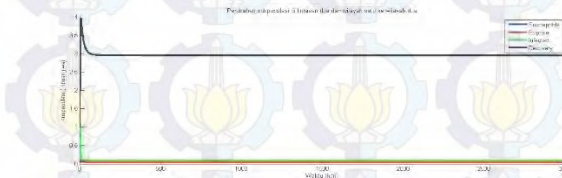
Gambar 3.1 Perubahan subpopulasi pada wilayah satu untuk $\mathcal{R}_{01} = 1,2105 > 1$



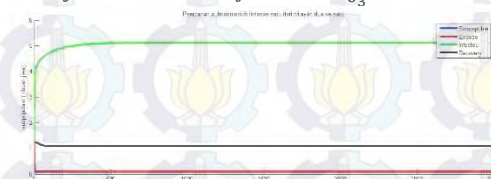
Gambar 3.2 Perubahan subpopulasi pada wilayah dua untuk $\mathcal{R}_{02} = 58.59 > 1$



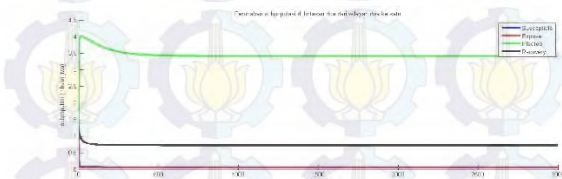
Gambar 3.3 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah satu ke wilayah dua $\mathcal{R}_{03} = 58,63 > 1$



Gambar 3.4 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah satu ke wilayah dua $\mathcal{R}_{03} = 58,63 > 1$



Gambar 3.5 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah dua ke wilayah satu $\mathcal{R}_{03} = 58,63 > 1$



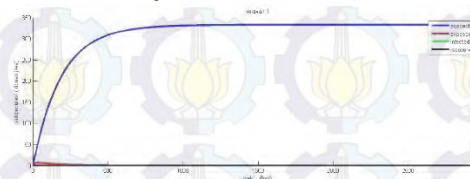
Gambar 3.6 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah dua ke wilayah satu $\mathcal{R}_{03} = 58,63 > 1$

dengan $\beta_2 = 0,99$, $\mu_2 = 1$, $\beta_1 = 0,5076$, $\mu_1 = 1$, $\gamma_1 = 0,85$, $\gamma_2 = 0,99$, $\varphi_1 = 0,4$, $\varphi_2 = 0,003$

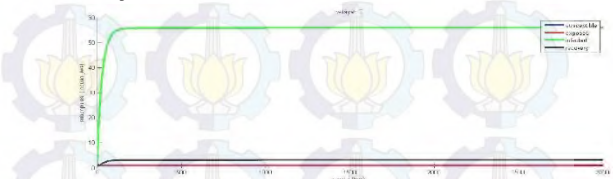
Pada Gambar 3.1 sampai 3.6 terlihat bahwa infeksi virus terjadi pada lintasan, wilayah satu dan wilayah dua. Hasil simulasi tersebut sesuai dengan $\mathcal{R}_0$ yang didapatkan pada masing-masing model. $\mathcal{R}_{03} > \mathcal{R}_{02} > \mathcal{R}_{01} > 1$ artinya penyebaran virus di lintasan paling tinggi. Hal ini dikarenakan individu di lintasan berasal dari wilayah satu dan dua. Sedangkan wilayah satu dan dua dalam keadaan endemik. Individu *exposed* dari wilayah satu dan dua mengalami perubahan status menjadi individu *infected* saat di lintasan. Individu tersebut dapat menularkan virus kepada individu lain saat bertemu di lintasan.

$\mathcal{R}_{02} > \mathcal{R}_{01}$ artinya penyebaran virus di wilayah dua lebih tinggi daripada di wilayah satu. Hal ini dikarenakan *rate* transmisi virus di wilayah dua (β_2) lebih besar daripada *rate* transmisi virus di wilayah satu (β_1). Penyebaran virus di wilayah satu tidak hanya disebabkan oleh individu *infected* dari wilayah satu, tetapi juga dapat disebabkan oleh individu *exposed* yang melakukan *travelling* dari wilayah dua yang berubah status menjadi individu *infected* di wilayah satu.

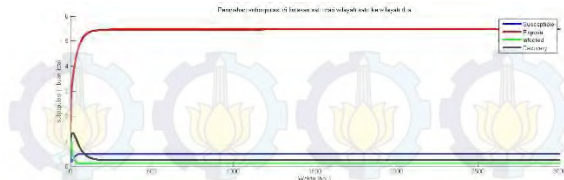
b. Ketika wilayah satu dalam keadaan bebas penyakit dan wilayah dua dalam keadaan endemik



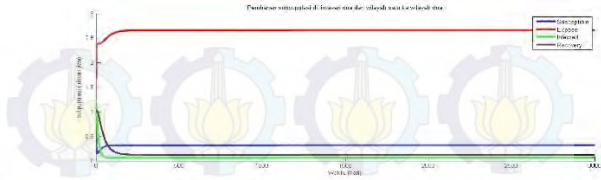
Gambar 3.7 Perubahan subpopulasi pada wilayah satu untuk $\mathcal{R}_{01} = 0,8112 < 1$



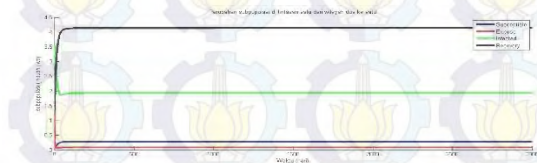
Gambar 3.8 Perubahan subpopulasi pada wilayah dua untuk $\mathcal{R}_{02} = 58.59 > 1$



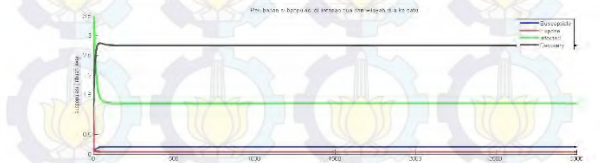
Gambar 3.9 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah satu ke wilayah dua $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$



Gambar 3.10 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah satu ke wilayah dua $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$



Gambar 3.11 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah dua ke wilayah satu $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$ dengan memperkecil β_1 menjadi 0,4761, $\gamma_1 = 0,0009$ dan $\phi_1 = 0,025$



Gambar 3.12. perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah dua ke wilayah satu $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$

Pada Gambar 3.7 sampai 3.12 terlihat bahwa pada lintasan dan wilayah dua terjadi infeksi virus, sedangkan pada wilayah satu tidak terjadi infeksi virus. Hasil simulasi tersebut sesuai dengan $\mathcal{R}_0$ yang didapatkan pada masing-masing model. $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_3} > 1$ dan $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ artinya sumber penyebaran virus di lintasan adalah individu *infected* dari wilayah dua. Individu *infected* ini merupakan individu *exposed* yang berubah status menjadi Individu *infected* setelah melewati masa inkubasinya saat di lintasan. Individu tersebut dapat menularkan virus kepada individu lain saat di lintasan.

IV. KESIMPULAN

1. Jika $\mathcal{R}_{0_3} > \mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_1} > 1$ artinya penyebaran virus di lintasan paling tinggi. Hal ini dikarenakan individu di lintasan berasal dari wilayah satu dan dua. Sedangkan wilayah satu dan dua dalam keadaan endemik. $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_1}$ artinya penyebaran virus di wilayah dua lebih tinggi daripada di wilayah satu. Hal ini dikarenakan *rate* transmisi virus di wilayah dua (β_2) lebih besar daripada *rate* transmisi virus di wilayah satu (β_1). Penyebaran virus di wilayah satu tidak hanya disebabkan oleh individu *infected* dari wilayah satu, tetapi juga dapat disebabkan oleh individu *exposed* yang melakukan *travelling* dari wilayah dua yang berubah status menjadi individu *infected* di wilayah satu.
2. Jika $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_3} > 1$ dan $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ artinya sumber penyebaran virus di lintasan adalah individu *infected* dari wilayah dua. Individu *infected* ini merupakan individu *exposed* yang berubah status menjadi Individu *infected* setelah melewati masa inkubasinya saat di lintasan. Individu tersebut dapat menularkan virus kepada individu lain saat di lintasan.

V. DAFTAR PUSTAKA

- [1] Artikelsiana. (2015). Pengertian dan ciri-ciri virus. Artikel ini didapat dari: <http://www.artikelsiana.com/2015/01/pengertian-virus-ciri-ciri-virus-definisi>.
- [2] Abdul. R., (1974). Pengertian dan ciri-ciri virus. Artikel ini didapat dari: http://www.akademia.edu/5420629/pengertian_epidemiologi.
- [3] Arino, J., & Driessche, P. v. (2003). A Multi-City Epidemic Model. *Mathematical Population Studies*, 10(3): 175-193.
- [4] Driessche, P. v., & Wetmough, J. (2002). Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, 180, 29-48.
- [5] Kumar, B., & Srivastaya, J. (2013). Mathematical model on pulmonary and multi-drug resistant tuberculosis patients with vaccination. *Egyptian Mathematical Society*, 22, 311-316.
- [6] Boyce, W. E., & DiPrima, R. C. (2009), *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*, 9th edition, John Wiley & Sons, Inc, United State of America.
- [7] Berman, A. & Plemmons, R. J. (1979). *Nonnegative Matrices in the Mathematica Sciences*. New York: Academic Press.