



TESIS - SM 142501

**OPTIMASI DOMAIN OF ATTRACTION
MODEL EPIDEMIK PADA DUA WILAYAH
DENGAN TIGA LINTASAN**

NIHAYA ALIVIA CORAIMA DEWI
NRP 0611 1650 012 004

DOSEN PEMBIMBING:
Dr. Hariyanto, M.Si.
Dr. Dra. Mardlijah, M.T.

PROGRAM MAGISTER
DEPARTEMEN MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA, KOMPUTASI DAN SAINS DATA
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA
2018



THESIS - SM 142501

**OPTIMIZATION DOMAIN OF ATTRACTION
OF TWO REGIONS WITH THREE PATH
EPIDEMIC MODEL**

NIHAYA ALIVIA CORAIMA DEWI
NRP 0611 1650 012 004

SUPERVISOR:
Dr. Hariyanto, M.Si.
Dr. Dra. Mardlijah, M.T.

MASTER PROGRAM
DEPARTMENT OF MATHEMATICS
FACULTY OF MATHEMATICS, COMPUTING AND DATA SCIENCE
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA
2018

Tesis ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar
Magister Sains (M.Si.)
di
Fakultas Matematika, Komputasi dan Sains Data
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

Oleh:
Nihaya Alivia Coraima Dewi
NRP. 0611 1650 012 004

Tanggal Ujian : 1 Agustus 2018
Periode Wisuda : September 2018

Disetujui oleh:

Dr. Hariyanto, M.Si.
NIP 19530414 198203 1 002

Pembimbing I

Dr. Dra. Mardijah, M.T.
NIP 19670114 199102 2 001

Pembimbing II

Dr. Chairul Imron, M.I.Komp.
NIP 19611115 198703 1 003

(Penguji)

Dr. Mahmud Yunus, M.Si.
NIP 19620407 198703 1 005

(Penguji)

Dr. Dwi Ratna Sulistyningrum, S.Si., M.T.
NIP 19690405 199403 2 003

(Penguji)



Dekan FMKSD,

Prof. Dr. Basuki Widodo, M.Sc.

NIP: 19650605 198903 1 002

OPTIMASI *DOMAIN OF ATTRACTION* MODEL EPIDEMIK PADA DUA WILAYAH DENGAN TIGA LINTASAN

Nama Mahasiswa : Nihaya Alivia Coraima Dewi
NRP : 0611 1650 012 004
Pembimbing : 1. Dr. Hariyanto, M.Si.
2. Dr. Dra. Mardlijah, M.T.

ABSTRAK

Banyaknya individu yang bepergian dari suatu wilayah menuju wilayah lain melewati berbagai lintasan memungkinkan adanya penularan penyakit dari individu terinfeksi kepada individu yang rentan. Pada penelitian ini dikonstruksi model matematika tipe SEITR (*Susceptible Exposed Infected Treatment Removed*) untuk menggambarkan penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dengan tiga-lintasan. Model dikonstruksi dengan adanya individu yang bepergian antar dua wilayah dengan tiga-lintasan bercabang dan terdapat pengobatan pada populasi individu yang terinfeksi, sehingga menghasilkan populasi baru yaitu populasi *treatment*. Selanjutnya dilakukan analisis penyebaran virus dengan melakukan analisis kestabilan serta melakukan simulasi numerik, dan mencari *domain of attraction* untuk mengetahui daerah penyebaran penyakit, serta dilakukan optimasi domain untuk mengetahui pusat penyebaran yang selanjutnya dapat diberikan saran terhadap daerah tersebut untuk dilakukan isolasi. Berdasarkan hasil analisis kestabilan diperoleh sistem tidak stabil jika rate transmisi penyakit lebih besar daripada rate pengobatan, dan berdasarkan analisis domain of attraction diperoleh hasil bahwa sumber penyebaran penyakit terletak pada daerah yang mempunyai rate transmisi yang lebih besar.

Kata-kunci: Model Tiga Lintasan, Kestabilan, *Domain of Attraction*

OPTIMIZATION DOMAIN OF ATTRACTION OF TWO REGIONS WITH THREE PATH EPIDEMIC MODEL

Name : Nihaya Alivia Coraima Dewi
NRP : 0611 1650 012 004
Supervisors : 1. Dr. Hariyanto, M.Si.
2. Dr. Dra. Mardlijah, M.T.

ABSTRACT

The number of individuals traveling from an area towards the other regions passed through a variety of pathways allows the transmission of disease from the infected individual vulnerable to individuals. On the research of mathematical model was constructed type SEITR (Susceptible Exposed Infected Treatment Removed) for describe the spread of infectious diseases between the two regions with the three-path. The model constructed by the presence of individuals who travel between the two territories with three-path branched and there is treatment in a population of individuals infected birds, resulting in new population population treatment. Further analysis of the spread of the virus is done by performing an analysis of the stability and numerical simulation, and look for the domain of attraction to find out the area of the spread of disease, as well as domain optimization done for knowing the next distribution centre can be given suggestions towards the area to do isolation. Based on the stability analysis results, the system is unstable if the transmission rate of the disease is greater than the treatment rate, and based on the domain of attraction analysis, it is found that the source of the disease spread lies in the region having higher transmission rate.

Key-words: Three Path modeling, Stability, Domain of Attraction

KATA PENGANTAR

Segala puji bagi Allah yang memiliki semua ilmu dan karena limpahan rahmat, kasih sayang serta petunjuk-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini yang berjudul:

OPTIMASI *DOMAIN OF ATTRACTION* MODEL EPIDEMIK PADA DUA WILAYAH DENGAN TIGA LINTASAN

sebagai salah satu syarat kelulusan program Magister Matematika, Fakultas Matematika, Komputasi dan Sains Data, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.

Dalam penulisan tesis ini, tidak akan terselesaikan dengan baik tanpa adanya bantuan dan bimbingan dari berbagai pihak. Disampaikan terima kasih kepada semua pihak yang telah membantu atas terselesaikannya Tesis ini:

1. Rektor Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
2. Dekan Fakultas Matematika, Komputasi dan Sains Data, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
3. Kepala Departemen Matematika, Fakultas Matematika, Komputasi dan Sains Data, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
4. Kepala Program Studi Magister Matematika, Fakultas Matematika, Komputasi dan Sains Data, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
5. Bapak Dr. Hariyanto, M.Si. dan Ibu Dr. Dra. Mardijah, M.T, selaku pembimbing tesis yang telah banyak mengarahkan, membimbing, dan memberi motivasi sehingga tesis ini dapat terselesaikan.
6. Bapak Dr. Chairul Imron, M.I.Komp., Bapak Dr. Mahmud Yunus, M.Si., dan Ibu Dr. Dwi Ratna Sulistyningrum, S.Si., M.T, selaku penguji tesis yang telah banyak memberikan saran sehingga tesis ini dapat diselesaikan.
7. Bapak Dr. Chairul Imron, M.I.Komp. selaku dosen wali penulis yang telah memberikan banyak pengarahan selama penulis menempuh program studi Magister Matematika.
8. Bapak Ibu dosen serta seluruh staf Tenaga Kependidikan Departemen Matematika, Fakultas Matematika, Komputasi dan Sains Data, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.

9. Bapak Muhammad Ali, Ibu Nurul Khusaini, Adek Ahmad Septian Aldanny dan Ahmad Ardian Ali Muzakky atas dukungan dan semangat yang telah diberikan.
10. Seluruh pihak, teman-teman Magister Matematika ITS 2016 tahun genap maupun ganjil, teman-teman PP. Muhyiddin yang telah memberikan saran dukungan dan motivasi dalam menyelesaikan tesis ini.

Penulis berharap tesis ini dapat bermanfaat bagi penulis sendiri pada khususnya dan pembaca pada umumnya.

Surabaya, Agustus 2018

Penulis

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
LEMBAR PENGESAHAN	v
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	ix
KATA PENGANTAR	xi
DAFTAR ISI	xiii
DAFTAR GAMBAR	xv
DAFTAR TABEL	xvii
DAFTAR SIMBOL	xix
BAB 1 PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Batasan Masalah	2
1.4 Tujuan Penelitian	3
1.5 Manfaat Penelitian	3
BAB 2 KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI	5
2.1 Penelitian-Penelitian Terkait	5
2.2 Eksistensi dan Ketunggalan	7
2.3 Titik Keseimbangan	7
2.4 Linierisasi	8
2.5 Runge-Kutta	10
2.6 <i>Domain of Attraction</i>	11
2.7 Fungsi Lyapunov	11
2.8 <i>Sum of Square</i>	11
BAB 3 METODE PENELITIAN	13
3.1 Tahapan Penelitian	13
BAB 4 ANALISIS DAN PEMBAHASAN	19
4.1 Konstruksi Model Epidemik pada Dua Wilayah dengan Tiga Lintasan Tipe SEITR	19
4.1.1 Konstruksi Model pada Wilayah 1	21
4.1.2 Konstruksi Model pada Wilayah 2	25
4.1.3 Konstruksi Model pada Sistem	29
4.2 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan	32
4.2.1 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan pada Wilayah 1	39
4.2.2 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan pada Wilayah 2	40

4.3	Penyelesaian Positif	42
4.3.1	Penyelesaian Positif Model pada Wilayah 1	42
4.3.2	Penyelesaian Positif Model pada Wilayah 2	44
4.4	Titik Kesetimbangan Endemik Model Epidemik pada Dua Wilayah dengan Tiga Lintasan Tipe SEITR	45
4.4.1	Titik Kesetimbangan Model pada wilayah 1	45
4.4.2	Titik Kesetimbangan Model pada Wilayah 2	46
4.4.3	Titik Kesetimbangan Model pada Wilayah 1 dan 2	47
4.5	Analisis Kestabilan Sistem	48
4.5.1	Analisis Kestabilan Sistem pada Wilayah 1	48
4.5.2	Analisis Kestabilan Sistem pada Wilayah 2	53
4.6	Optimasi <i>Domain of Attraction</i>	58
4.7	Optimasi <i>Sum of Square</i>	60
4.8	Simulasi Numerik	62
BAB 5	Kesimpulan dan Saran	75
5.1	Kesimpulan	75
5.2	Saran	75

DAFTAR GAMBAR

Gambar 3.1	Wilayah pertama.....	13
Gambar 3.2	Wilayah kedua.....	13
Gambar 4.1	Ilustrasi sistem.....	20
Gambar 4.2	Dua wilayah dengan tiga lintasan.....	20
Gambar 4.3	Simulasi pada kedua wilayah.....	62
Gambar 4.4	Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 5 0 0 0 0	63
Gambar 4.5	Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 5 0 0 0	63
Gambar 4.6	Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 0 5 0 0	64
Gambar 4.7	Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 0 0 5 0	64
Gambar 4.8	Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 0 0 0 5	65
Gambar 4.9	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 1, 1, 1, 1, 1.....	65
Gambar 4.10	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0.5, 0, 2.5, 1, 1.....	66
Gambar 4.11	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 4, 0, 1, 0, 0.....	66
Gambar 4.12	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 5, 0, 0, 0, 0.....	67
Gambar 4.13	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 5, 0, 0, 0.....	67
Gambar 4.14	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 5, 0, 0.....	68
Gambar 4.15	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 5, 0.....	68
Gambar 4.16	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 0, 5.....	69
Gambar 4.17	Simulasi dengan perbedaan rate pengobatan dengan masing-masing nilai awal 1.....	69
Gambar 4.18	Simulasi dengan perbedaan rate pengobatan dengan nilai awal 0.5, 0, 2.5, 1, 1.....	70
Gambar 4.19	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 5, 0, 0, 0, 0.....	70
Gambar 4.20	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 5, 0, 0, 0.....	71
Gambar 4.21	Simulasi dengan perbedaan rate pengobatan pada nilai awal 0, 0, 5, 0, 0.....	71
Gambar 4.22	Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 5, 0.....	72

Gambar 4.23 Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 5, 0	72
Gambar 4.24 Simulasi dengan rate transisi dan pengobatan yang berbeda.....	73

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Kestabilan 10

DAFTAR SIMBOL

- $S_i(t)$ Jumlah populasi individu *susceptible* pada waktu t pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- $E_i(t)$ Populasi individu-individu *exposed* yang terinfeksi pada waktu t pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- $I_i(t)$ Populasi dari individu-individu terinfeksi pada waktu t dan dapat menularkan penyakit pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- $T_i(t)$ Populasi dari individu-individu *treatment* yang mendapatkan pengobatan pada waktu t pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- $R_i(t)$ Jumlah populasi individu-individu yang mengalami proses penyembuhan atas infeksi yang diderita pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- Λ_i Banyaknya kelahiran pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- σ_i Rate traveling individu menuju wilayah lainnya dengan $i=1,2$.
- δ_i Rate traveling individu dari wilayah lainnya dengan $i=1,2$.
- d_i Rate kematian alami yang dialami individu pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- β_i Rate transmisi virus pada individu *susceptible* saat bertemu dengan individu *infected* pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- γ_i Rate transisi populasi *exposed* menjadi *infected* pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- u_i Rate pengobatan pada populasi terinfeksi pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- φ_i Rate individu *treatment* menjadi populasi *recovery* pada wilayah i , untuk $i=1,2$.
- α_i Rate perpindahan individu dengan $i=1,2$.
- N_i Jumlah keseluruhan populasi yang bernilai konstan pada wilayah i , untuk $i=1,2$.

BAB 1

PENDAHULUAN

Pada bab ini diuraikan mengenai latar belakang yang menjadi dasar penelitian dan berdasarkan latar belakang masalah dapat disusun rumusan masalah yang mendasari tujuan penelitian serta manfaat yang dihasilkan dari penelitian.

1.1 Latar Belakang

Epidemiologi adalah ilmu mengenai kejadian yang menimpa suatu populasi, pada mulanya diartikan sebagai epidemik yang mempelajari tentang penyakit-penyakit menular. Penularan suatu penyakit dapat terjadi melalui kontak langsung, melalui udara, makanan, minuman dan melalui vektor (hewan pembawa penyakit) sehingga menimbulkan gejala-gejala penyakit. Berbagai upaya dilakukan untuk menghentikan penyebaran penyakit sehingga penyebaran penyakit tidak berkelanjutan. Maka dapat disusun langkah-langkah penanggulangan, baik yang bersifat pencegahan maupun pengobatan (Triwibowo dan Pusphandani, 2015).

Pemodelan matematika pada penyebaran penyakit infeksi telah menjadi bagian dari pengambilan keputusan kebijakan epidemiologi di banyak negara maju, termasuk United Kingdom, Belanda, Canada dan Amerika Serikat. Dengan demikian pendekatan pemodelan menjadi sangat penting untuk pengambilan keputusan tentang program pengendalian penyakit infeksi. Model matematika untuk penyebaran penyakit menular yang sebagian besar didasarkan pada kompartemen struktur yang awalnya diusulkan oleh Kermack dan Mc-Kendrick (1927,1932) dan dikembangkan kemudian oleh banyak peneliti. Untuk merumuskan model dinamis transmisi epidemi penyakit, penduduk di suatu wilayah tertentu dibagi menjadi beberapa kelompok atau kompartemen yang berbeda (Djafri, 2017).

Seiring berkembangnya teknologi transportasi memudahkan perpindahan individu dari suatu tempat menuju ke tempat yang lainnya, sehingga memungkinkan adanya penularan penyakit melalui media udara pada saat individu melakukan perpindahan. Model penyebaran penyakit pada dua wilayah telah diteliti model STIR pada dua wilayah (Kusumayadi, Hariyanto dan Mardlijah, 2015), dan model SEIRS (Yolanda dan Apriliani, 2016), kemudian dikembangkan berupa model SEIR pada dua wilayah dengan dua lintasan (Wulansari, Hariyanto dan Imron, 2015), dan model SEIR pada dua wilayah dengan multi-lintasan (Hariyanto, Hanafi dan Wahyudi, 2017).

Analisis kestabilan pada titik kesetimbangan dilakukan untuk mengetahui pengaruh penyebaran penyakit yang disebabkan oleh virus tersebut pada keberlangsungan hidup manusia, dan akan dilakukan optimasi *domain of attraction* (DOA), yaitu untuk menentukan bahwa suatu wilayah

dalam keadaan stabil asimtotik. Penelitian tentang *domain of attraction* (DOA) untuk model penyakit epidemik sangat penting karena hal ini dapat memberikan panduan bagaimana memprediksi atau menentukan kecenderungan perkembangan infeksi sehingga membantu masyarakat dan pihak terkait kesehatan untuk melakukan penanggulangan saat terjadi penyebaran penyakit menular. Solusi yang diperoleh dapat digunakan untuk menggambarkan karakteristik penyebarannya dari penyakit menular, memprediksi status infeksi dan mengevaluasi efisiensi strategi pengendalian (Chen, Li, Lu dan Jing, 2012).

Pada penelitian ini dikonstruksi model matematika tipe SEITR (*Susceptible Exposed Infected Treatment Removed*) untuk menggambarkan penyebaran virus antar dua wilayah dengan multi-lintasan. Model dikonstruksi dengan adanya individu yang bepergian antar dua wilayah dengan multi-lintasan bercabang dan terdapat pengobatan pada populasi individu yang terinfeksi, sehingga menghasilkan populasi baru yaitu populasi *treatment*. Selanjutnya dilakukan analisis penyebaran virus dengan melakukan analisis kestabilan dan mencari *domain of attraction* untuk mengetahui daerah penyebaran penyakit serta dilakukan simulasi numerik.

1.2 Rumusan Masalah

Permasalahan yang dibahas dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Bagaimana konstruksi model matematika epidemik tipe SEITR pada dua wilayah dengan tiga lintasan?
2. Bagaimana analisis kestabilan serta simulasi numerik model matematika epidemik pada dua wilayah dengan tiga lintasan?
3. Bagaimana analisis dari hasil optimasi *domain of attraction* dari model matematika epidemik pada dua wilayah dengan tiga lintasan?

1.3 Batasan Masalah

Penelitian pada tesis ini diberikan beberapa batasan masalah dengan rincian sebagai berikut:

1. Objek penelitian pada model matematika adalah individu yang merasakan akibat dari penyebaran penyakit menular dan memenuhi model matematika tipe SEITR.
2. Individu yang lahir memiliki kekebalan alami sehingga termasuk dalam populasi *Susceptible*.
3. Pengamatan pada satu jenis penyakit menular.
4. Simulasi menggunakan data dari jurnal (data sekunder).
5. Banyaknya lintasan pada penelitian ini adalah tiga lintasan dan memiliki satu titik cabang pada tengah lintasan.

1.4 Tujuan Penelitian

Berdasarkan rumusan masalah di atas, tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Mengkonstruksi model matematika epidemik tipe SEITR pada dua wilayah dengan tiga lintasan.
2. Menganalisis kestabilan serta melakukan simulasi numerik model matematika epidemik pada dua wilayah dengan tiga lintasan.
3. Menganalisis hasil dari optimasi *domain of attraction* model matematika epidemik pada dua wilayah dengan tiga lintasan.

1.5 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian tesis ini adalah mengetahui pusat penyebaran penyakit pada dua wilayah yang dihubungkan dengan banyak lintasan, dan dapat menjadi kontribusi dalam pengembangan matematika terapan sebagai referensi pihak medis serta pemerintah terkait penanggulangan masalah penyebaran penyakit pada saat individu terinfeksi melakukan perjalanan menuju wilayah lain.

BAB 2

KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI

Dalam bab ini dibahas mengenai kajian pustaka dan dasar teori yang berkaitan dengan topik penelitian pada tesis.

2.1 Penelitian-Penelitian Terkait

Penelitian-penelitian terkait tentang model penyebaran penyakit pada dua wilayah dan dengan lintasan pernah diteliti sebagai berikut:

1. *Analisis Model Endemik Dua Wilayah Dua Lintasan* (Wulansari et al., 2015)

Penelitian ini bertujuan untuk mengkonstruksi bentuk umum model penyebaran penyakit pada dua wilayah dan dua lintasan serta menganalisis kestabilan pada model yang telah diperoleh. Model matematika pada dua wilayah dan dua lintasan diperoleh sebagai berikut

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

dimana $i \neq k, p \neq q$ dengan $i = 1, 2$ adalah banyak kota asal, $j = 1, 2$ adalah banyaknya lintasan, $k = 1, 2$ adalah banyaknya kota tujuan.

2. *Density and Persistence Analyze on The Spreading Models Multi-Regions Multi-Patches* (Hariyanto et al., 2017).

Penelitian ini bertujuan untuk mengkonstruksi model matematika tipe SEIR yang merepresentasikan penyebaran virus antar dua wilayah melalui tiga lintasan penghubung yang bercabang. Selanjutnya dilakukan analisis persistensi dan eksistensi traveling-wave terhadap lintasan

penghubung yang bercabang berdasarkan pada bilangan threshold yang sudah diketahui untuk mengetahui penyebaran virus yang terjadi. Model matematika untuk wilayah 1 dengan asumsi bahwa rate traveling dan masing-masing lintasan yang berbeda

$$\begin{aligned}
\frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_2 ds - S_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 S_1 \\
&\quad - \beta_1 S_1 I_1 \\
\frac{dE_1}{dt} &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)E_2 ds - E_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 E_1 \\
&\quad + \beta_1 S_1 I_1 - \gamma_1 E_1 \\
\frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)I_{(21)p} ds \\
\frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 I_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)R_2 ds - R_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 R_1
\end{aligned}$$

dengan domain penyelesaian persamaan pada wilayah 1 $N_1(0) \leq N_1 \leq e^{\sigma t} \int e^{-\sigma t} (\mu S_1 + \delta I_1(t)) dt$ dan $\Lambda_1 = \mu S_1$. Model pada wilayah 2 dengan asumsi bahwa rate traveling dan masing-masing lintasan yang berbeda diperoleh persamaan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_1 ds - S_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_2 S_2 \\
&\quad - \beta_2 S_2 I_2 \\
\frac{dE_2}{dt} &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)E_1 ds - E_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_2 E_2 \\
&\quad + \beta_2 S_2 I_2 - \gamma_2 E_2 \\
\frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)I_{(12)p} ds \\
\frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 I_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)R_1 ds - R_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 R_1
\end{aligned}$$

dengan $i \neq k$ dan $p \neq j$, $i = 1, 2$ adalah banyaknya wilayah asal, $j, p = 1, 2, \dots, n$ adalah banyaknya lintasan, $k = 1, 2$ adalah banyaknya wilayah tujuan. Domain penyelesaian pada model wilayah 2 diperoleh dengan batasan $N_2(0) \leq N_2 \leq e^{\sigma t} \int e^{-\sigma t} (\mu S_2 + \delta I_2(t)) dt$ dan $\Lambda_2 = \mu S_2$.

3. *The Domain of Attraction for a SEIR Epidemic Model Based on Sum of Square Optimization* (Chen et al., 2012).

Penelitian ini bertujuan untuk mengestimasi *domain of attraction*

pada kelas populasi model dinamika epidemi yang *susceptible-exposed-infectious-recovered* (SEIR) dengan menggunakan optimasi *Sum of Square* dan menganalisis stabilitas pada titik ekuilibrium model SEIR.

2.2 Eksistensi dan Ketunggalan

Pada penentuan Fungsi Lipschitz dilakukan untuk mengetahui bahwa model dari sistem persamaan memiliki penyelesaian tunggal dan ada, selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan.

Definisi 2.1 (Khalil, 2002)

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

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

Diberikan sistem dari masalah awal yang berbentuk

$$\begin{aligned} \frac{du_1}{dt} &= f_1(t, u_1, u_2, \dots, u_m), \\ \frac{du_2}{dt} &= f_2(t, u_1, u_2, \dots, u_m), \\ &\vdots \\ \frac{du_m}{dt} &= f_m(t, u_1, u_2, \dots, u_m). \end{aligned}$$

untuk $a \leq t \leq b$, dengan kondisi awal

$$u_1(a) = a_1, u_2(a) = a_2, \dots, u_m(a) = a_m$$

sistem tersebut dibuktikan eksistensi dan ketunggalan solusi sistem dengan menggunakan definisi Lipschitz.

Definisi 2.2 (Burden dan Faires, 2001)

Fungsi $f((t, u_1, u_2, \dots, u_m) | a \leq t \leq b$ dan $-\infty < u_i < \infty, \forall i = 1, 2, \dots, m)$ dikatakan memenuhi kondisi Lipschitz di D , jika terdapat sebuah konstanta $L > 0$

$$|f(t, u_1, u_2, \dots, u_m) - f(t, z_1, z_2, \dots, z_m)| \leq L \sum_{j=1}^m |u_j - z_j|$$

untuk semua $(t, u_1, u_2, \dots, u_m)$ dan $(t, z_1, z_2, \dots, z_m)$ di D .

2.3 Titik Kesetimbangan

Titik kesetimbangan diperoleh pada saat sistem dalam keadaan setimbang, yaitu pada saat perubahan banyaknya individu pada kelompok model sistem sepanjang waktu adalah nol. Diberikan sistem persamaan diferensial sebagai berikut (Boyce, DiPrima dan Meade, 1992)

$$\frac{dx_1}{dt} = F_1(x_1, x_2, x_3, x_4)$$

$$\begin{aligned}\frac{dx_2}{dt} &= F_2(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ \frac{dx_3}{dt} &= F_3(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ \frac{dx_4}{dt} &= F_4(x_1, x_2, x_3, x_4)\end{aligned}$$

Titik $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*)$ yang memenuhi $F_1(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 0$, $F_2(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 0$, $F_3(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 0$, $F_4(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 0$ disebut titik kesetimbangan. Titik kesetimbangan $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*)$ merupakan solusi dari sistem yang bernilai konstan, sebab di titik $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*)$ nilai $\frac{dx_1^*}{dt} = 0$, $\frac{dx_2^*}{dt} = 0$, $\frac{dx_3^*}{dt} = 0$, $\frac{dx_4^*}{dt} = 0$.

Definisi 2.3

Titik $x^* \in \mathbb{R}^n$ disebut titik kesetimbangan dari $\dot{x} = F(x)$ jika memenuhi $F(x^*) = 0$, dimana

$$F(x) = \begin{bmatrix} F_1(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ F_2(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ \vdots \\ F_n(x_1, x_2, x_3, x_4) \end{bmatrix}.$$

2.4 Linierisasi

Diberikan bentuk persamaan diferensial non linear sebagai berikut

$$\begin{aligned}\frac{dx_1}{dt} &= F_1(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ \frac{dx_2}{dt} &= F_2(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ \frac{dx_3}{dt} &= F_3(x_1, x_2, x_3, x_4) \\ \frac{dx_4}{dt} &= F_4(x_1, x_2, x_3, x_4)\end{aligned}$$

asumsikan bahwa fungsi F_1, F_2, F_3, F_4 mempunyai turunan parsial yang kontinu di titik $\bar{x}^* = (x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*)$. Deret Taylor fungsi F_1, F_2, F_3 , dan F_4 disekitar \bar{x}^* adalah

$$\begin{aligned}F_1(\bar{x}) &= F_1(\bar{x}^*) + \frac{\partial F_1(\bar{x}^*)}{\partial x_1}(x_1 - x_1^*) + \frac{\partial F_1(\bar{x}^*)}{\partial x_2}(x_2 - x_2^*) + \dots + \frac{\partial F_1(\bar{x}^*)}{\partial x_n}(x_n - x_n^*) \\ &\quad + \eta_1(\bar{x}) \\ F_2(\bar{x}) &= F_2(\bar{x}^*) + \frac{\partial F_2(\bar{x}^*)}{\partial x_1}(x_1 - x_1^*) + \frac{\partial F_2(\bar{x}^*)}{\partial x_2}(x_2 - x_2^*) + \dots + \frac{\partial F_2(\bar{x}^*)}{\partial x_n}(x_n - x_n^*) \\ &\quad + \eta_2(\bar{x}) \\ &\quad \vdots \\ F_n(\bar{x}) &= F_n(\bar{x}^*) + \frac{\partial F_n(\bar{x}^*)}{\partial x_1}(x_1 - x_1^*) + \frac{\partial F_n(\bar{x}^*)}{\partial x_2}(x_2 - x_2^*) + \dots + \frac{\partial F_n(\bar{x}^*)}{\partial x_n}(x_n - x_n^*) \\ &\quad + \eta_n(\bar{x})\end{aligned}$$

dengan $\eta_1(\bar{x}), \eta_2(\bar{x}), \eta_3(\bar{x})$ dan $\eta_4(\bar{x})$ adalah suku sisa. Hampiran orde satu terhadap F_1, F_2, F_3 , dan F_4 , suku sisa memenuhi sifat

$$\begin{aligned}\lim_{(x) \rightarrow (x^*)} \frac{\eta_1(\bar{x})}{\|w\|} &= 0, \\ \lim_{(x) \rightarrow (x^*)} \frac{\eta_2(\bar{x})}{\|w\|} &= 0, \\ &\vdots \\ \lim_{(x) \rightarrow (x^*)} \frac{\eta_n(\bar{x})}{\|w\|} &= 0\end{aligned}$$

dengan $w = (x_1 - x_1^*, x_2 - x_2^*, x_3 - x_3^*, x_n - x_n^*)^T$ berdasarkan persamaan diatas, serta

$$\begin{aligned}\frac{dx_1}{dt} &= \frac{d(x_1 - x_1^*)}{dt}, \\ \frac{dx_2}{dt} &= \frac{d(x_2 - x_2^*)}{dt}, \\ &\vdots \\ \frac{dx_n}{dt} &= \frac{d(x_n - x_n^*)}{dt},\end{aligned}$$

maka dapat ditulis dalam bentuk matriks, yaitu

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} x_1 - x_1^* \\ x_2 - x_2^* \\ \vdots \\ x_n - x_n^* \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_1(\bar{x}^*) \\ F_2(\bar{x}^*) \\ \vdots \\ F_n(\bar{x}^*) \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial x_1} & \frac{\partial F_1}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial F_2}{\partial x_1} & \frac{\partial F_2}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial F_n}{\partial x_1} & \frac{\partial F_n}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_n}{\partial x_n} \end{bmatrix} (\bar{x}^*) \begin{bmatrix} x_1 - x_1^* \\ x_2 - x_2^* \\ \vdots \\ x_n - x_n^* \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \eta_1(\bar{x}) \\ \eta_2(\bar{x}) \\ \vdots \\ \eta_n(\bar{x}) \end{bmatrix}$$

Matriks

$$J(x^*) = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial x_1} & \frac{\partial F_1}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial F_2}{\partial x_1} & \frac{\partial F_2}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial F_n}{\partial x_1} & \frac{\partial F_n}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial F_n}{\partial x_n} \end{bmatrix} (\bar{x}^*)$$

disebut matriks Jacobi dan dinotasikan dengan $J(x^*)$. Jika dimisalkan $u = x_1 - x_1^*, v = x_2 - x_2^*$, dan $z = x_n - x_n^*$ sehingga $w = (u, v, \dots, z)^T$ dan dengan mengingat bahwa $F_1(x^*) = F_2(x^*) = \dots = F_n(x^*) = 0$, maka persamaan dapat ditulis dalam bentuk

$$\begin{bmatrix} \frac{du}{dt} \\ \frac{dv}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dz}{dt} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial x_1} & \frac{\partial F_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial F_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial F_2}{\partial x_1} & \frac{\partial F_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial F_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial F_n}{\partial x_1} & \frac{\partial F_n}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial F_n}{\partial x_n} \end{bmatrix} (x^*) \begin{bmatrix} u \\ v \\ \vdots \\ z \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \eta_1(\bar{x}) \\ \eta_2(\bar{x}) \\ \vdots \\ \eta_n(\bar{x}) \end{bmatrix}$$

atau

$$\frac{dw}{dt} = J(x^*)w + \eta$$

pada (x_1, x_2, \dots, x_n) berada cukup dekat dengan $(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$, (u, v, \dots, z) bernilai kecil sehingga $\|\eta\| \leq |w|$. Oleh karena itu η dapat diabaikan dan sistem nonlinear dapat dihampiri dengan sistem linear (Boyce et al., 1992)

$$\frac{dw}{dt} = J(x^*)w$$

sifat kestabilan titik kritis pada sistem linear terbagi sebagai berikut

Tabel 2.1: Kestabilan

Nilai Eigen	Kriteria	Kestabilan	Tipe
$\lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{R}$	$\lambda_1, \lambda_2 > 0$	Tak stabil	Simpul
	$\lambda_1, \lambda_2 < 0$	Stabil asimtotik	Simpul
	$\lambda_1 < 0 < \lambda_2$	Tak stabil	Pelana
$\lambda_1, \lambda_2 = \mu \pm iv$	$\mu > 0$	Tak stabil	Spiral
	$\mu < 0$	Stabil asimtotik	Spiral
	$\mu = 0$	Stabil	Pusat

2.5 Runge-Kutta

Simulasi numerik diselesaikan menggunakan metode Runge-Kutta, yaitu suatu pendekatan dengan menggunakan metode solusi numerik dari masalah nilai awal. Diberikan sebagai berikut (Burden dan Faires, 2001)

$$y' = f(t, y), y(t_0) = y_0$$

Rumus Runge-Kutta melibatkan bobot rata-rata dari nilai $f(t, y)$ di titik yang berbeda pada interval $t_n \leq t \leq t_{(n+1)}$. Dan diberikan oleh

$$y_{n+1} = y_n + h \left(\frac{k_{n1} + 2k_{n2} + 2k_{n3} + k_{n4}}{6} \right)$$

dimana

$$\begin{aligned} k_{n1} &= f(t_n, y_n) \\ k_{n2} &= f\left(t_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hk_{n1}\right) \\ k_{n3} &= f\left(t_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hk_{n2}\right) \\ k_{n4} &= f(t_n + h, y_n + hk_{n3}). \end{aligned}$$

2.6 *Domain of Attraction*

Diberikan sistem autonomous (Khalil, 2002)

$$\dot{x} = f(x), x \in \mathbb{R}^n$$

dengan $f(0) = 0$, *domain of attraction* (DOA) dari $x = 0$ adalah

$$S_d = \{x^0 \in \mathbb{R}^n \mid \lim_{t \rightarrow \infty} x(t, x^0) = 0\},$$

dimana $x(t, x^0)$ merupakan solusi yang berhubungan untuk kondisi awal $x(0) = x^0$.

2.7 *Fungsi Lyapunov*

Diberikan sistem autonomous (Khalil, 2002)

$$\dot{x} = f(x)$$

andaikan terdapat suatu fungsi, disebut fungsi Lyapunov $V(x)$ memenuhi sebagai berikut

1. $V(\bar{x}) = 0$
2. $V(x) > 0$, untuk $x \neq \bar{x}$: definit positif
3. $\dot{V}(x) < 0$ sepanjang trayektori dari $\dot{x} = f(x)$ definit negatif

kemudian, \bar{x} adalah stabil asimptotik (Khalil, 2002).

2.8 *Sum of Square*

Jika terdapat polinomial $g_1, \dots, g_s \in \mathbb{R}[x_1, \dots, x_n]$ sehingga

$$f(x) = \sum_{i=1}^2 g_i^2(x)$$

kemudian f adalah tidak negatif, maka dinamakan *sum of square* (Parrilo, 2006)

BAB 3 METODE PENELITIAN

Metode penelitian ini diawali dengan studi literatur, konstruksi model, analisis kestabilan dan menentukan optimasi *domain of attraction* dengan tahapan sebagai berikut

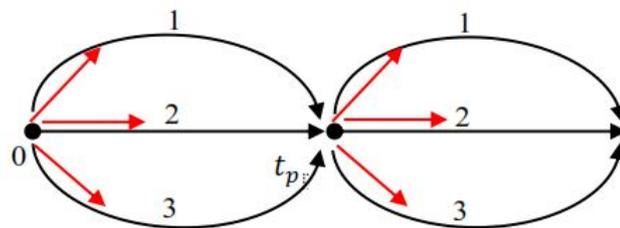
3.1 Tahapan Penelitian

1. Studi Literatur

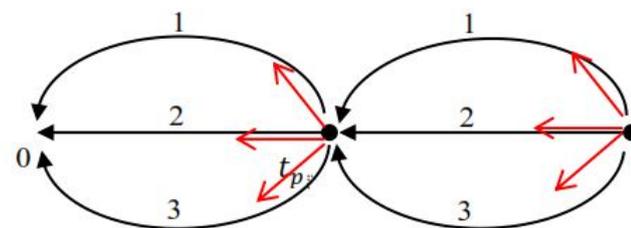
Studi literatur dilakukan untuk mempelajari materi terkait dengan penelitian, dengan mempelajari jurnal, buku dan artikel yang berhubungan dengan model penyebaran virus, analisis kestabilan, dan *domain of attraction*, serta referensi lain yang dapat mendukung penelitian.

2. Model Matematika

Model penyebaran virus yang digunakan pada penelitian ini diperoleh dari hasil pengembangan model dari penelitian sebelumnya yaitu model SEIR dengan pada dua tempat dengan multi-lintasan bercabang, dengan langkah-langkah kontruksi model sebagai berikut



Gambar 3.1: Wilayah pertama



Gambar 3.2: Wilayah kedua

(a) Menentukan objek pengamatan

Objek pengamatan pada penelitian sebelumnya yaitu dilakukan pengamatan pada populasi individu dengan pembangian sub

kelas S (*Susceptible*), E (*Exposed*), I (*Infected*), R (*Recovery*). Untuk penelitian ini akan ditambahkan objek pengamatan dengan penambahan sub kelas T (*Treatment*) sehingga menjadi model SEITR.

- (b) Mengidentifikasi masalah berdasarkan fenomena penyebaran penyakit

Penyebaran penyakit terjadi akibat adanya kontak antara individu S (*Susceptible*) dan I (*Infected*) serta adanya mobilisasi dari individu baik yang rentan maupun sudah terjangkit penyakit antara dua wilayah dengan melalui beberapa lintasan yang menghubungkan dua wilayah.

- (c) Membangun model matematika menggunakan hukum konservasi massa dan hukum konservasi energi

Model penyebaran virus antar dua wilayah dengan melalui beberapa lintasan yang menghubungkan dua wilayah bertipe $SEITR$ sebagai berikut

$$\frac{dS_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 S_{ijk}I_{ijk}, \beta_i, d_i, \Lambda_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

laju perubahan populasi S (*Susceptible*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j dipengaruhi oleh banyaknya populasi S (*Susceptible*) dari kota i menuju kota k yang melewati lintasan j melakukan kontak dengan populasi I (*Infected*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j serta dipengaruhi oleh kelahiran dan kematian alami.

$$\frac{dE_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 S_{ijk}I_{ijk}, \sum_{j=1}^3 E_{ijk}, \beta_i, d_i, \gamma_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

laju perubahan populasi E (*Exposed*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j dipengaruhi oleh banyaknya populasi S (*Susceptible*) dari kota i menuju kota k yang melewati lintasan j melakukan kontak dengan populasi I (*Infected*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j dan dipengaruhi oleh banyaknya populasi E (*Exposed*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j serta dipengaruhi oleh kematian dan transisi E (*Exposed*) menjadi I (*Infected*).

$$\frac{dI_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 E_{ijk}, \sum_{j=1}^3 I_{ijk}, d_i, \gamma_i, u\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

laju perubahan populasi I (*Infected*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j dipengaruhi oleh banyaknya populasi E (*Exposed*) dari kota i menuju kota k yang melewati lintasan j

yang berubah menjadi I (*Infected* dan dipengaruhi oleh banyaknya populasi I (*Infected* dari kota i menuju kota k melalui lintasan j serta dipengaruhi oleh kematian dan pengobatan.

$$\frac{dT_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 T_{ijk}, \sum_{j=1}^3 I_{ijk}, d_i, u\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

laju perubahan populasi T (*Treatment*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j dipengaruhi oleh banyaknya populasi T (*Treatment*) dari kota i menuju kota k yang melewati lintasan j dan dipengaruhi oleh banyaknya populasi I (*Infected* dari kota i menuju kota k melalui lintasan j yang mendapatkan pengobatan serta dipengaruhi oleh kematian.

$$\frac{dR_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 T_{ijk}, \sum_{j=1}^3 R_{ijk}, d_i, \varphi_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

laju perubahan populasi R (*Recovery*) dari kota i menuju kota k melalui lintasan j dipengaruhi oleh banyaknya populasi T (*Treatment*) dari kota i menuju kota k yang melewati lintasan j yang sembuh dan dipengaruhi oleh banyaknya populasi R (*Recovery* dari kota i menuju kota k melalui lintasan j serta dipengaruhi oleh kematian.

(d) Menentukan kondisi awal dan batas

Memisakan total populasi adalah positif, lalu dilakukan penyelesaian persamaan diferensial dan diberikan kondisi awal yaitu $t = 0$ sehingga diperoleh batas daerah penyelesaian.

(e) Eksistensi dan ketunggalan

Langkah pertama yang harus dikerjakan adalah penyederhanaan sistem pada model untuk menekankan terjadinya evolusi pada model yang diamati. Sehingga hasil proporsi sistem sesuai dengan evolusi model yang diamati menjadi

$$\frac{dS_{ijk}}{dt} = f\left(\lambda_1 \sum_{j=1}^3 S_{ijk}, \beta_i, d_i, \Lambda_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

$$\frac{dE_{ijk}}{dt} = f\left(\lambda_2 \sum_{j=1}^3 E_{ijk}, \beta_i, d_i, \gamma_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

$$\frac{dI_{ijk}}{dt} = f\left(\lambda_3 \sum_{j=1}^3 I_{ijk}, d_i, \gamma_i, u\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

$$\frac{dT_{ijk}}{dt} = f\left(\lambda_4 \sum_{j=1}^3 T_{ijk}, d_i, u\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

$$\frac{dR_{ijk}}{dt} = f(\lambda_5 \sum_{j=1}^3 R_{ijk}, d_i, \varphi_i); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

dengan $\lambda_x, x = 1, 2, 3, 4, 5$ adalah besar proporsi virus melakukan kontak dengan individu, lalu ditunjukkan konstanta *Lipschitz*, dengan memisalkan

$$\begin{aligned} X^1 &= \{S^1, E^1, I^1, T^1, R^1\} \\ X^2 &= \{S^2, E^2, I^2, T^2, R^2\} \end{aligned}$$

selanjutnya akan dicari nilai dari $k(t)$ yang merupakan konstanta *Lipschitz*.

3. Sistem Dinamik

(a.) Mencari titik kesetimbangan

Titik kesetimbangan dapat diperoleh dengan langkah sebagai berikut

$$\frac{dS}{dt} = 0; \frac{dE}{dt} = 0; \frac{dI}{dt} = 0; \frac{dT}{dt} = 0; \frac{dR}{dt} = 0$$

dan akan diperoleh dua titik kesetimbangan, yaitu kesetimbangan saat bebas penyakit maka untuk titik $I^0 = 0$ sehingga diperoleh titik $(S^0, E^0, I^0, T^0, R^0) = (S^0, 0, 0, 0, 0)$, dan titik kesetimbangan endemik yaitu $(S^*, E^*, I^*, T^*, R^*)$.

(b.) Linearisasi model

Asumsikan bahwa model mempunyai turunan parsial yang kontinu di sekitar titik kestabilan sehingga dilakukan deret Taylor fungsi sehingga mendapatkan matriks Jacobi sebagai berikut

$$\begin{bmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dE}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \\ \frac{dT}{dt} \\ \frac{dR}{dt} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial S} & \frac{\partial F_1}{\partial E} & \frac{\partial F_1}{\partial I} & \frac{\partial F_1}{\partial T} & \frac{\partial F_1}{\partial R} \\ \frac{\partial F_2}{\partial S} & \frac{\partial F_2}{\partial E} & \frac{\partial F_2}{\partial I} & \frac{\partial F_2}{\partial T} & \frac{\partial F_2}{\partial R} \\ \frac{\partial F_3}{\partial S} & \frac{\partial F_3}{\partial E} & \frac{\partial F_3}{\partial I} & \frac{\partial F_3}{\partial T} & \frac{\partial F_3}{\partial R} \\ \frac{\partial F_4}{\partial S} & \frac{\partial F_4}{\partial E} & \frac{\partial F_4}{\partial I} & \frac{\partial F_4}{\partial T} & \frac{\partial F_4}{\partial R} \\ \frac{\partial F_5}{\partial S} & \frac{\partial F_5}{\partial E} & \frac{\partial F_5}{\partial I} & \frac{\partial F_5}{\partial T} & \frac{\partial F_5}{\partial R} \end{bmatrix} (S^*, E^*, I^*, T^*, R^*).$$

(c.) Mendapatkan Persamaan Karakteristik persamaan karakteristik akan diperoleh dengan tahap sebagai berikut

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial S} & \frac{\partial F_1}{\partial E} & \frac{\partial F_1}{\partial I} & \frac{\partial F_1}{\partial T} & \frac{\partial F_1}{\partial R} \\ \frac{\partial F_2}{\partial S} & \frac{\partial F_2}{\partial E} & \frac{\partial F_2}{\partial I} & \frac{\partial F_2}{\partial T} & \frac{\partial F_2}{\partial R} \\ \frac{\partial F_3}{\partial S} & \frac{\partial F_3}{\partial E} & \frac{\partial F_3}{\partial I} & \frac{\partial F_3}{\partial T} & \frac{\partial F_3}{\partial R} \\ \frac{\partial F_4}{\partial S} & \frac{\partial F_4}{\partial E} & \frac{\partial F_4}{\partial I} & \frac{\partial F_4}{\partial T} & \frac{\partial F_4}{\partial R} \\ \frac{\partial F_5}{\partial S} & \frac{\partial F_5}{\partial E} & \frac{\partial F_5}{\partial I} & \frac{\partial F_5}{\partial T} & \frac{\partial F_5}{\partial R} \end{bmatrix} - \lambda \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

(d.) Mencari Nilai eigen

Diperoleh akar-akar dari persamaan karakteristik pada tahap sebelumnya.

(e.) Melakukan analisis kestabilan dipersekitaran titik kesetimbangan

(f.) Simulasi numerik dilakukan untuk mempermudah pengamatan pada sistem dinamik.

4. Optimasi *Domain of Attraction*

Analisis dari hasil optimasi *domain of attraction* dilakukan untuk mengetahui daerah penyebaran virus

(a.) Mengurangi persamaan pada sistem

Pengurangan state dilakukan berdasarkan state yang tidak begitu berpengaruh pada sistem, yaitu pada state R (*Recovery*) sehingga hanya menggunakan persamaan model sebagai berikut

$$\frac{dS_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 S_{ijk} I_{ijk}, \beta_i, d_i, \Lambda_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

$$\frac{dE_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 S_{ijk} I_{ijk}, \sum_{j=1}^3 E_{ijk}, \beta_i, d_i, \gamma_i\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

$$\frac{dI_{ijk}}{dt} = f\left(\sum_{j=1}^3 E_{ijk}, \sum_{j=1}^3 I_{ijk}, d_i, \gamma_i, u\right); i = 1, 2; k = 1, 2.$$

(b.) Melakukan transformasi model

Misalkan $m = S - x_1$, $n = E - x_2$, $o = I - x_3$ kemudian di substitusikan pada sistem persamaan menjadi $\dot{m}, \dot{n}, \dot{o}$.

(c.) Menentukan fungsi Lyapunov $V(x)$.

(d.) Melakukan optimasi pada *Domain of Attraction* dengan Metode *Sum of Square*

5. Penarikan Kesimpulan dan Pemberian Saran

Penarikan kesimpulan dilakukan dari hasil analisis kestabilan dari model dinamik yang diperoleh dan pada hasil optimasi *domain of attraction* pada sistem untuk selanjutnya dibuat laporan berdasarkan hasil penelitian yang dilakukan serta diberikan saran untuk penelitian selanjutnya.

BAB 4

ANALISIS DAN PEMBAHASAN

Pada bab ini dilakukan analisis dan pembahasan terkait konstruksi model epidemik pada dua wilayah dengan multi lintasan, yaitu konstruksi model pada wilayah 1, wilayah 2 serta wilayah 1 dan 2. Kemudian dilakukan pencarian titik kesetimbangan endemik pada wilayah 1, wilayah 2 serta wilayah 1 dan 2. Selanjutnya dilakukan analisis kestabilan model pada wilayah 1, wilayah 2 serta wilayah 1 dan 2. Kemudian dilakukan analisis *domain of attraction* pada sistem. Selain itu juga dilakukan validasi model pada wilayah 1 dan wilayah 2 dengan menganalisis eksistensi dan ketunggalan sistem, serta analisis kedinamisan dan dilakukan simulasi model pada kestabilan dan *domain of attraction*.

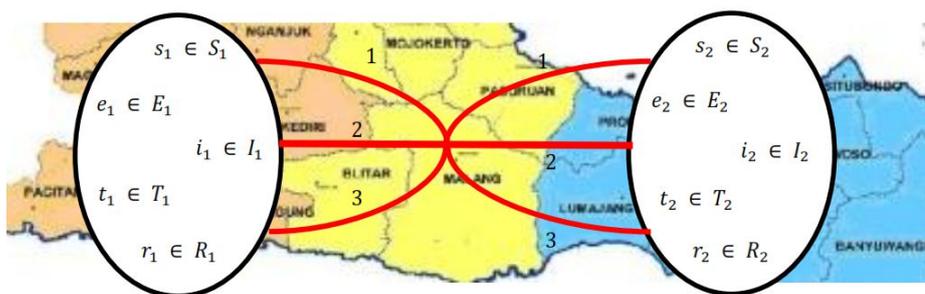
4.1 Konstruksi Model Epidemik pada Dua Wilayah dengan Tiga Lintasan Tipe SEITR

Pada penelitian ini dilakukan konstruksi model dari model penyebaran virus yang telah diteliti sebelumnya (Hariyanto et al., 2017) yaitu model pada dua wilayah dengan multi lintasan tipe SEIR, dengan pengembangan pada model yang disesuaikan berdasarkan penelitian yang telah dituliskan oleh Kusumayadi (2014) yaitu dengan penambahan subpopulasi baru yaitu pada subpopulasi *treatment* sebagai kumpulan dari individu terinfeksi yang mendapatkan pengobatan dengan dilambangkan sebagai variable $T(t)$. Menurut fenomena yang terjadi, individu yang terinfeksi dapat disembuhkan dengan cara pemberian pengobatan. Individu yang dalam masa pengobatan dikelompokkan pada populasi *treatment*. Sehingga model tipe SEITR adalah adanya pemberian pengobatan yang dilakukan kepada individu yang terkena penyakit kemudian individu dapat sembuh. Sehingga dalam hasil konstruksi penelitian pada tesis ini pada model setiap wilayah terdapat tambahan subpopulasi baru yaitu populasi *treatment* dengan penyebaran jenis penyakit yang sama pada kedua wilayah. Secara spesifik model yang diberikan dapat diterapkan pada penyakit cholera, varicella simplex (cacar air), hepatitis, dan lainnya.

Model epidemik pada dua wilayah dengan multi lintasan menggambarkan adanya penyebaran virus pada wilayah 1, wilayah 2 serta pada kedua wilayah (wilayah 1 dan 2). Populasi pada masing-masing wilayah dibagi menjadi lima sub populasi, yaitu *susceptible*, *exposed*, *infected*, *treatment*, dan *recovery*. Populasi *susceptible* adalah populasi dari individu yang sehat dan mempunyai kemungkinan dapat terjangkit penyakit, populasi *exposed* adalah populasi dari individu-individu dalam masa inkubasi, populasi *infected* adalah populasi dari individu yang terinfeksi virus, populasi *treatment* adalah populasi dari individu dalam masa pengobatan dan populasi *recovery*

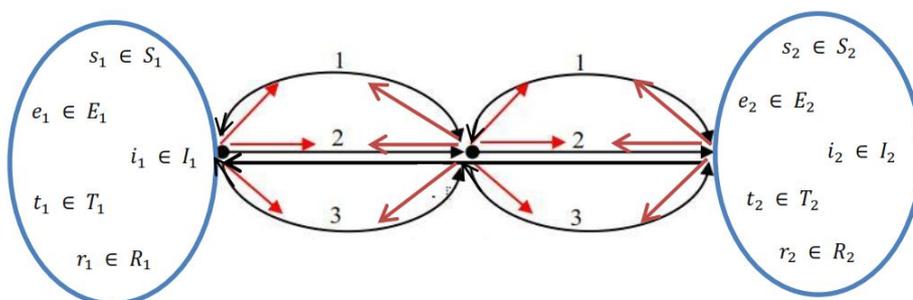
adalah populasi individu yang sembuh dari suatu infeksi virus.

Setiap populasi dari individu *susceptible*, *exposed*, *treatment* dan *recovery* dari wilayah 1 dapat melakukan perpindahan menuju wilayah 2, namun pada populasi dari individu *infected* tidak diperbolehkan melakukan perpindahan menuju wilayah 2. Begitu juga sebaliknya pada populasi dari individu *susceptible*, *exposed*, *treatment* dan *recovery* dari wilayah 2 dapat melakukan perpindahan menuju wilayah 1. Tetapi populasi dari individu *infected* tidak dapat melakukan perpindahan menuju wilayah lain karena individu *infected* terisolasi dalam wilayah masing-masing. Namun meskipun populasi dari individu *infected* tidak melakukan perpindahan menuju wilayah lain, penyebaran virus juga dapat terjadi karena adanya populasi dari individu *exposed* dari wilayah lain mengalami keadaan transisi menjadi individu *infected* saat berada di lintasan, sehingga ketika masuk wilayah yang dituju individu *exposed* telah menjadi individu *infected*. Penyebaran virus pada kasus ini terjadi saat individu *susceptible* bergerak dan bertemu dengan individu *infected*. Berikut adalah contoh gambaran sistem yang akan diamati, yaitu terdiri dari dua wilayah dan tiga lintasan.



Gambar 4.1: Ilustrasi sistem

Pada ilustrasi sistem diatas digambarkan bahwa sistem yang diamati terdiri dari dua wilayah dan mempunyai tiga lintasan bercabang yang menghubungkan kedua wilayah tersebut, sehingga pada daerah diatas, diambil sistem yang diamati sebagai berikut



Gambar 4.2: Dua wilayah dengan tiga lintasan

Pada saat terjadi perpindahan individu menuju wilayah lainnya,

untuk individu yang melewati lintasan 1 dapat berpindah melewati lintasan 1, 2, maupun 3, begitu pula untuk lintasan awal lainnya. Sehingga didapatkan individu $S_{(i,j)1}, E_{(i,j)1}, I_{(i,j)1}, T_{(i,j)1}, R_{(i,j)1}$ untuk individu pada wilayah pertama yang saat berpindah menuju wilayah 2 dapat melewati lintasan i , dan berpindah menuju wilayah j , untuk $i, j = 1, 2, 3$. Kemudian saat individu pada wilayah 2 berpindah menuju wilayah 1 juga dapat diperoleh individu $S_{(i,j)2}, E_{(i,j)2}, I_{(i,j)2}, T_{(i,j)2}, R_{(i,j)2}$ untuk i adalah lintasan awal yang dilewati oleh individu pada wilayah 2, dan j adalah lintasan kedua yang dilewati oleh individu pada wilayah 2, dengan $i, j = 1, 2, 3$. Untuk selanjutnya akan diasumsikan bahwa individu pada wilayah 1 $S_{(i,j)1} = S_1, E_{(i,j)1} = E_1, I_{(i,j)1} = I_1, T_{(i,j)1} = T_1, R_{(i,j)1} = R_1$ dan untuk individu pada wilayah 2 diasumsikan $S_{(i,j)2} = S_2, E_{(i,j)2} = E_2, I_{(i,j)2} = I_2, T_{(i,j)2} = T_2, R_{(i,j)2} = R_2$.

Wilayah yang diteliti mempunyai karakteristik yang berbeda, sehingga dapat mempengaruhi nilai parameter yang diambil dan kondisi penyebaran penyakit pada wilayah tersebut. Oleh karena itu dilakukan konstruksi model pada wilayah 1, wilayah 2, dan pada kedua wilayah (wilayah 1 dan 2) untuk mengetahui penyebaran penyakit pada masing-masing wilayah dan hubungan antara keduanya.

4.1.1 Konstruksi Model pada Wilayah 1

Model pada wilayah 1 menggambarkan terjadinya penyebaran virus pada wilayah 1, yang mana diperoleh dari hasil pengembangan model pada tipe SEIR (Hariyanto et al., 2017) dengan model sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_2 ds - S_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 S_1 \\ &\quad - \beta_1 S_1 I_1 \\ \frac{dE_1}{dt} &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)E_2 ds - E_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 E_1 \\ &\quad + \beta_1 S_1 I_1 - \gamma_1 E_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)I_{(21)p} ds \\ \frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 I_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)R_2 ds - R_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds - d_1 R_1\end{aligned}$$

Laju perubahan populasi dari individu *susceptible* bertambah karena adanya rate kelahiran di wilayah 1 sebesar Λ_1 , dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *susceptible* wilayah 2 melewati tiga wilayah yang dilambangkan sebagai fungsi densitas kernel sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_2 ds$. Selanjutnya laju perubahan populasi dari individu *susceptible* dapat berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *susceptible* pada wilayah 1 melewati tiga lintasan menuju wilayah 2 dengan fungsi densitas kernel sebesar $S_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds$, dan berkurang karena adanya kematian

pada populasi dari individu *susceptible* wilayah 1 sebesar d_1 , selain itu juga berkurang karena adanya rate transmisi virus yang terjadi saat populasi dari individu *susceptible* yang bergerak dan bertemu dengan populasi dari individu *infected* di wilayah 1 sebesar β_1 .

Laju perubahan populasi dari individu *exposed* dapat bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* wilayah 2 melewati tiga lintasan dengan fungsi densitas kernel sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)E_2 ds$ dan bertambah karena adanya rate transmisi virus yang terjadi saat populasi dari individu *susceptible* bergerak dan bertemu dengan populasi dari individu *infected* di wilayah 1 sebesar β_1 . Selanjutnya laju perubahan populasi dari individu *exposed* dapat berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* wilayah 1 melewati tiga wilayah menuju wilayah 2 dengan fungsi densitas kernel sebesar $E_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds$, dan berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *exposed* wilayah 1 sebesar d_1 , selain itu juga berkurang karena adanya rate transisi populasi dari individu *exposed* menjadi populasi *infected* pada wilayah 1 sebesar γ_1 .

Laju perubahan populasi dari individu *infected* dapat bertambah karena adanya rate transisi populasi dari individu *exposed* menjadi populasi *infected* pada wilayah 1 sebesar γ_1 dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* dari wilayah 2 yang berubah menjadi individu *infected* saat berada di lintasan dengan fungsi densitas kernel adalah $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)I_{(21)p} ds$. Selanjutnya laju perubahan populasi dapat berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *infected* wilayah 1 sebesar d_1 dan berkurang karena adanya pengobatan pada populasi dari individu *infected* wilayah 1 sebesar u_1 .

Laju perubahan populasi dari individu *treatment* dapat bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *treatment* wilayah 2 melewati tiga wilayah fungsi densitas kernel sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)T_2 ds$ dan bertambah karena adanya rate pengobatan yang diberikan pada populasi dari individu *infected* di wilayah 1 sebesar u_1 . Selanjutnya laju perubahan populasi dari individu *treatment* dapat berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *treatment* pada wilayah 1 melewati tiga lintasan menuju wilayah 2 dengan fungsi densitas kernel sebesar $T_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)ds$, dan berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *treatment* wilayah 1 sebesar d_1 , selain itu juga berkurang karena adanya rate transisi populasi dari individu *treatment* menjadi populasi *recovery* pada wilayah 1 sebesar φ_1 .

Laju perubahan populasi dari individu *recovery* bertambah karena adanya rate transisi populasi dari individu *treatment* menjadi populasi *recovery* yang telah sembuh dari penyakit pada wilayah 1 sebesar φ_1 dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *recovery* dari wilayah 2 yang berubah menuju wilayah 1 dengan fungsi densitas kernel sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)R_2 ds$. Selanjutnya laju perubahan populasi berkurang karena adanya kematian pada populasi individu *recovery* wilayah 1 sebesar d_1 dan berkurang karena perpindahan populasi dari individu *recovery* wilayah

1 melewati tiga lintasan menuju wilayah 2 sebesar $R_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds$.

Sehingga hasil konstruksi model pada wilayah 1 dengan penambahan pembagian populasi *treatment* dengan variabel $T(t)$ dapat diperoleh sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) S_2 ds - S_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_1 S_1 - \beta_1 S_1 I_1 \\
\frac{dE_1}{dt} &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) E_2 ds - E_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_1 E_1 + \beta_1 S_1 I_1 - \gamma_1 E_1 \\
\frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - u_1 I_1 - d_1 I_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) I_{(21)p} ds \\
\frac{dT_1}{dt} &= u_1 I_1 - \varphi_1 T_1 - d_1 T_1 - T_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) T_2 ds \\
\frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 T_1 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) R_2 ds - R_1 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_1 R_1
\end{aligned} \tag{4.1}$$

dengan $K(t_p - s)$ adalah fungsi densitas kernel yaitu dalam bentuk fungsi eksponensial $e^{\alpha_1(t_p - s)}$, dengan α_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2 sehingga pada penelitian untuk $t = [0, \infty)$ dan nilai α_1 positif diperoleh

$$\begin{aligned}
\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} e^{\alpha_1(t_p - s)} ds \\
&= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} e^{\alpha_1(t_p)} e^{\alpha_1(-s)} ds \\
&= \sum_{p=1}^3 e^{\alpha_1(t_p)} \int_0^{t_p} e^{-\alpha_1(s)} ds \\
&= \sum_{p=1}^3 e^{\alpha_1(t_p)} \left(\frac{1}{-\alpha_1} \right) e^{-\alpha_1(s)} \Big|_0^{t_p} \\
&= \sum_{p=1}^3 \left(\frac{1}{\alpha_1} e^{\alpha_1(t_p)} - \frac{1}{\alpha_1} \right) \\
&= \frac{1}{\alpha_1} (e^{\alpha_1(t_1)} + e^{\alpha_1(t_2)} + e^{\alpha_1(t_3)} - 3) \\
&= \delta_1
\end{aligned}$$

Perbedaan jumlah individu pada wilayah 1 dan 2 dimisalkan dengan proporsi sebagai berikut $S_1 = mS$, $E_1 = nE$, $I_1 = oI$, $T_1 = qT$, dan $R_1 = rR$ jadi dapat

dinyatakan proporsi untuk individu pada wilayah 2 bahwa $S_2 = (1 - m)S$, $E_2 = (1 - n)E$, $I_2 = (1 - o)I$, $T_2 = (1 - q)T$ dan $R_2 = (1 - r)R$, untuk $0 \geq m, n, o, q, r \geq 1$. dengan perbandingan banyak individu tersebut maka diperoleh $S_2 = \left(\frac{1-m}{m}\right) S_1$ pada penelitian untuk $t = [0, \infty)$ diperoleh

$$\begin{aligned} \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) S_2 ds &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} e^{\alpha_1(t_p - s)} \left(\frac{1 - m}{m}\right) S_1 ds \\ &= \left(\frac{1 - m}{m}\right) \sum_{p=1}^3 \left(\frac{1}{\alpha_1} e^{\alpha_1(t_p)} - \frac{1}{\alpha_1}\right) S_1 \\ &= \sigma_1 S_1 \end{aligned}$$

dengan

$$\sigma_1 = \left(\frac{1 - m}{m}\right) \sum_{p=1}^3 \left(\frac{1}{\alpha_1} e^{\alpha_1(t_p)} - \frac{1}{\alpha_1}\right) = \left(\frac{1 - m}{m}\right) \delta_1$$

begitu pula untuk variabel state $E_2 = \left(\frac{1-n}{n}\right) E_1$, $I_2 = \left(\frac{1-o}{o}\right) I_1$, $T_2 = \left(\frac{1-q}{q}\right) T_1$ dan $R_2 = \left(\frac{1-r}{r}\right) R_1$, untuk besar proporsi masing-masing populasi yang mengalami perpindahan antara wilayah 1 dan wilayah 2 adalah sama, maka dapat dimisalkan $\left(\frac{1-m}{m}\right) = \left(\frac{1-n}{n}\right) = \left(\frac{1-o}{o}\right) = \left(\frac{1-q}{q}\right) = \left(\frac{1-r}{r}\right)$ sehingga persamaan model pada wilayah 1 dapat disederhanakan menjadi

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 + \sigma_1 S_1 - \delta_1 S_1 - d_1 S_1 - \beta_1 S_1 I_1 \\ \frac{dE_1}{dt} &= \sigma_1 E_1 - \delta_1 E_1 - d_1 E_1 + \beta_1 S_1 I_1 - \gamma_1 E_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - u_1 I_1 - d_1 I_1 + \sigma I_1 \\ \frac{dT_1}{dt} &= u_1 I_1 - \varphi_1 T_1 - d_1 T_1 - \delta_1 T_1 + \sigma_1 T_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 T_1 + \sigma_1 R_1 - \delta_1 R_1 - d_1 R_1 \end{aligned} \tag{4.2}$$

dimana $N_1 = S_1 + E_1 + I_1 + T_1 + R_1$. Kondisi awal yang digunakan pada konstruksi model ini yang diambil yaitu $S_1(0) = S_{1_0}$, $E_1(0) = E_{1_0}$, $I_1(0) = I_{1_0}$ dengan $T_1(0) = T_{1_0}$ dan $R_1(0) = R_{1_0}$. Parameter-parameter dan variabel yang digunakan adalah sebagai berikut:

$S_1(t)$: Jumlah populasi individu *susceptible* pada waktu t pada wilayah 1

$E_1(t)$: Populasi individu-individu *exposed* yang terinfeksi pada waktu t namun belum menularkan virus ataupun dalam hal ini dapat diartikan sebagai individu dengan infeksi didalam tubuhnya namun terdapat salah diagnosis padanya

$I_1(t)$: Populasi dari individu-individu terinfeksi pada waktu t dan dapat menularkan penyakit pada wilayah 1.

$T_1(t)$: Populasi dari individu-individu *treatment* yang mendapatkan pengobatan pada waktu t pada wilayah 1.

$R_1(t)$: Jumlah populasi individu-individu yang mengalami proses penyembuhan atas infeksi yang diderita.

Λ_1 : Banyaknya kelahiran pada wilayah 1

σ_1 : Rate traveling individu dari wilayah 1 ke wilayah 2

δ_1 : Rate traveling individu dari wilayah 2 ke wilayah 1 menjadi individu wilayah 1

d_1 : Rate kematian alami yang dialami individu pada wilayah 1

β_1 : Rate transmisi virus pada individu *susceptible* saat bertemu dengan individu *infected* pada wilayah 1

γ_1 : Rate transisi populasi *exposed* menjadi *infected* pada wilayah 1

u_1 : Rate pengobatan pada populasi terinfeksi pada wilayah 1

φ_1 : Rate individu *treatment* menjadi populasi *recovery* pada wilayah 1

α_1 : Rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2

N_1 : Jumlah keseluruhan populasi yang bernilai konstan pada wilayah 1

4.1.2 Konstruksi Model pada Wilayah 2

Model pada wilayah 2 menggambarkan terjadinya penyebaran virus pada wilayah 2, yang mana diperoleh dari hasil pengembangan model pada tipe SEIR pada wilayah 2 dengan model sebagai berikut (Hariyanto et al., 2017):

$$\begin{aligned}\frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) S_1 ds - S_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_2 S_2 \\ &\quad - \beta_2 S_2 I_2 \\ \frac{dE_2}{dt} &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) E_1 ds - E_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_2 E_2 \\ &\quad + \beta_2 S_2 I_2 - \gamma_2 E_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) I_{(12)p} ds \\ \frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 I_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) R_1 ds - R_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_2 R_2\end{aligned}$$

Laju perubahan populasi dari individu *susceptible* bertambah karena adanya rate kelahiran di wilayah 2 sebesar Λ_2 , dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *susceptible* wilayah 1 melewati tiga wilayah sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_1 ds$. Namun laju perubahan populasi dari individu *susceptible* dapat berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *susceptible* wilayah 2 melewati tiga lintasan menuju wilayah 1 sebesar $S_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds$, berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *susceptible* wilayah 2 sebesar d_2 , selain itu juga berkurang karena adanya rate transmisi virus yang terjadi saat populasi dari individu *susceptible* bergerak dan bertemu dengan populasi dari individu *infected* di wilayah 2 sebesar β_2 .

Laju perubahan populasi dari individu *exposed* dapat bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* wilayah 1 melewati tiga lintasan sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)E_1 ds$ dan bertambah karena adanya rate transmisi virus yang terjadi saat populasi dari individu *susceptible* bergerak dan bertemu dengan populasi dari individu *infected* di wilayah 2 sebesar β_2 . Namun laju perubahan populasi dari individu *exposed* dapat berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* wilayah 2 melewati tiga lintasan menuju wilayah 1 sebesar $E_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds$, dan berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *exposed* wilayah 2 sebesar d_2 , selain itu juga berkurang karena adanya rate transisi populasi dari individu *exposed* menjadi populasi *infected* pada wilayah 2 sebesar γ_2 .

Laju perubahan populasi dari individu *infected* dapat bertambah karena adanya rate transisi populasi dari individu *exposed* menjadi populasi *infected* pada wilayah 2 sebesar γ_2 dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* dari wilayah 1 yang berubah menjadi individu *infected* saat berada di lintasan sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)I_{(12)p} ds$. Namun laju perubahan populasi dapat berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *infected* wilayah 2 sebesar d_2 dan berkurang karena adanya pengobatan pada populasi dari individu *infected* wilayah 2 sebesar u_2 .

Laju perubahan populasi dari individu *treatment* dapat bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *treatment* wilayah 1 melewati tiga lintasan sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)T_1 ds$ dan bertambah karena adanya rate pengobatan yang diberikan pada populasi dari individu *infected* di wilayah 2 sebesar u_2 . Namun laju perubahan populasi dari individu *treatment* dapat berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *treatment* wilayah 2 melewati tiga wilayah menuju wilayah 1 $T_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds$, dan berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *treatment* wilayah 2 sebesar d_2 , selain itu juga berkurang karena adanya rate transisi populasi dari individu *treatment* menjadi populasi *recovery* pada wilayah 2 sebesar φ_2 .

Laju perubahan populasi dari individu *recovery* pada wilayah 2 dapat bertambah karena adanya rate transisi populasi dari individu *treatment* menjadi populasi *recovery* yang telah sembuh dari penyakit pada wilayah 2

sebesar φ_2 dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *recovery* dari wilayah 1 yang berubah menuju wilayah 2 dengan fungsi densitas kernel sebesar $\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)R_1 ds$. Selanjutnya laju perubahan populasi dapat berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *recovery* wilayah 2 sebesar d_2 dan berkurang karena adanya perpindahan populasi dari individu *recovery* wilayah 2 melewati tiga lintasan menuju wilayah 2 sebesar $R_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds$.

Sehingga hasil konstruksi model pada wilayah 2 dengan penambahan pembagian populasi *treatment* dengan variabel T_2 dapat diperoleh sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_1 ds - S_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_2 S_2 - \beta_2 S_2 I_2 \\
\frac{dE_2}{dt} &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)E_1 ds - E_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_2 E_2 + \beta_2 S_2 I_2 - \gamma_2 E_2 \\
\frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - u_2 I_2 - d_2 I_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)I_{(12)p} ds \\
\frac{dT_2}{dt} &= u_2 I_2 - \varphi_2 T_2 - d_2 T_2 - T_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)T_1 ds \\
\frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 T_2 + \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)R_1 ds - R_2 \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds - d_2 R_2
\end{aligned} \tag{4.3}$$

dengan $K(t_p - s)$ adalah fungsi densitas kernel yaitu dalam bentuk fungsi eksponensial $e^{\alpha_2(t_p - s)}$, dengan α_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1 sehingga pada penelitian untuk $t = [0, \infty)$

$$\begin{aligned}
\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s) ds &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} e^{\alpha_2(t_p - s)} ds \\
&= \frac{1}{\alpha_2} (e^{\alpha_2(t_1)} + e^{\alpha_2(t_2)} + e^{\alpha_2(t_3)} - 3) \\
&= \delta_2
\end{aligned}$$

misalkan besar proporsi untuk individu *susceptible* pada wilayah dengan perbandingan banyak individu $S_2 = \left(\frac{1-m}{m}\right) S_1$ pada penelitian untuk $t = [0, \infty)$ diperoleh

$$\begin{aligned}
\sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} K(t_p - s)S_1 ds &= \sum_{p=1}^3 \int_0^{t_p} e^{\alpha_2(t_p - s)} \left(\frac{m}{1-m}\right) S_2 ds \\
&= \left(\frac{m}{1-m}\right) \sum_{p=1}^3 \left(\frac{1}{\alpha_2} e^{\alpha_2(t_p)} - \frac{1}{\alpha_2}\right) S_2
\end{aligned}$$

$$= \sigma_2 S_2$$

dengan

$$\sigma_2 = \left(\frac{m}{1-m} \right) \sum_{p=1}^3 \left(\frac{1}{\alpha_2} e^{\alpha_2(t_p)} - \frac{1}{\alpha_2} \right) = \left(\frac{m}{1-m} \right) \delta_2$$

begitu pula untuk variabel state $E_2 = \left(\frac{1-n}{n} \right) E_1$, $I_2 = \left(\frac{1-o}{o} \right) I_1$, $T_2 = \left(\frac{1-q}{q} \right) T_1$ dan $R_2 = \left(\frac{1-r}{r} \right) R_1$, dengan permasalahan seperti pada model wilayah 1, sehingga persamaan model pada wilayah 2 dapat disederhanakan menjadi

$$\begin{aligned} \frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 + \sigma_2 S_2 - \delta_2 S_2 - d_2 S_2 - \beta_2 S_2 I_2 \\ \frac{dE_2}{dt} &= \sigma_2 E_2 - \delta_2 E_2 - d_2 E_2 + \beta_2 S_2 I_2 - \gamma_2 E_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - u_2 I_2 - d_2 I_2 + \sigma_2 I_2 \\ \frac{dT_2}{dt} &= u_2 I_2 - \varphi_2 T_2 - d_2 T_2 - \delta_2 T_2 + \sigma_2 T_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 T_2 + \sigma_2 R_2 - \delta_2 R_2 - d_2 R_2 \end{aligned} \quad (4.4)$$

dimana $N_2 = S_2 + E_2 + I_2 + T_2 + R_2$. Kondisi awal yang digunakan pada konstruksi model ini yang diambil yaitu $S_2(0) = S_{2_0}$, $E_2(0) = E_{2_0}$, $I_2(0) = I_{2_0}$ dengan $T_2(0) = T_{2_0}$ dan $R_2(0) = R_{2_0}$. Parameter-parameter dan variabel yang digunakan adalah sebagai berikut:

$S_2(t)$: Jumlah populasi individu *susceptible* pada waktu t pada wilayah 2

$E_2(t)$: Populasi individu-individu *exposed* yang terinfeksi pada waktu t namun belum menularkan virus ataupun dalam hal ini dapat diartikan sebagai individu dengan infeksi didalam tubuhnya namun terdapat salah diagnosis padanya

$I_2(t)$: Populasi dari individu-individu terinfeksi pada waktu t dan dapat menularkan penyakit pada wilayah 2.

$T_2(t)$: Populasi dari individu-individu *treatment* yang mendapatkan pengobatan pada waktu t pada wilayah 2.

$R_2(t)$: Jumlah populasi individu-individu yang mengalami proses penyembuhan atas infeksi yang diderita.

Λ_2 : Banyaknya kelahiran pada wilayah 2

σ_2 : Rate traveling individu dari wilayah 1 ke wilayah 2 menjadi individu wilayah 2

δ_2 : Rate traveling individu dari wilayah 2 ke wilayah 1

- d_2 : Rate kematian alami yang dialami individu pada wilayah 2
- β_2 : Rate transmisi virus pada individu *susceptible* saat bertemu dengan individu *infected* pada wilayah 2
- γ_2 : Rate transisi populasi *exposed* menjadi *infected* pada wilayah 2
- u_2 : Rate pengobatan pada populasi terinfeksi pada wilayah 2
- φ_2 : Rate individu *treatment* menjadi populasi *recovery* pada wilayah 2
- α_2 : Rate Perpindahan populasi pada wilayah 2 menuju wilayah 1
- N_2 : Jumlah keseluruhan populasi yang bernilai konstan pada wilayah 2

4.1.3 Konstruksi Model pada Sistem

Sistem yang diteliti pada penelitian ini adalah suatu wilayah yang terdiri atas wilayah 1 dan wilayah 2 dimana pengamatan dilakukan pada waktu $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$. Pada wilayah 1 terdiri atas populasi *susceptible* wilayah 1, *exposed* wilayah 1, *infected* wilayah 1, *treatment* wilayah 1, dan *recovery* wilayah 1, begitu pula pada wilayah 2 terdiri atas populasi *susceptible* wilayah 2, *exposed* wilayah 2, *infected* wilayah 2, *treatment* wilayah 2, dan *recovery* wilayah 2, sehingga pengamatan pada sistem dilakukan pada populasi *susceptible* wilayah 1 dan 2, *exposed* wilayah 1 dan 2, *infected* wilayah 1 dan 2, *treatment* wilayah 1 dan 2, dan *recovery* wilayah 1 dan 2. Pada penelitian selanjutnya telah dilakukan oleh (Hariyanto et al., 2017) sehingga diperoleh persamaan model pada sistem untuk tipe SEIR seperti berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \Lambda + \sigma S - \delta S - dS - \beta SI \\
\frac{dE}{dt} &= \sigma E - \delta E - dE + \beta SI - \gamma E \\
\frac{dI}{dt} &= \gamma E - \varphi I - dI + \sigma I \\
\frac{dR}{dt} &= \varphi I + \sigma R - \delta R - dR
\end{aligned} \tag{4.5}$$

dengan dengan $S = S_1 + S_2$, $E = E_1 + E_2$, $I = I_1 + I_2$, $R = R_1 + R_2$ sehingga perubahan yang terjadi pada masing-masing subpopulasi ditinjau secara sistem adalah bermakna bahwa laju perubahan subpopulasi Susceptible secara serentak diamati pada seluruh wilayah, demikian pula untuk subpopulasi yang lain. Dengan individu yang berada pada lintasan yang diteliti akan mempengaruhi jumlah pada masing-masing wilayah, sehingga pergerakan individu pada lintasan diasumsikan sebagai fungsi densitas kernel yang mana perpindahan yang diamati hanya pada sistem yang diteliti, sehingga jumlah individu yang diteliti pada kedua wilayah ini tidak mengalami perubahan diakibatkan karena perpindahan menuju wilayah lainnya. Sehingga model persamaan pada sistem (wilayah 1 dan 2) dapat dinyatakan sebagai berikut:

Laju perubahan populasi dari individu *susceptible* bertambah karena

adanya rate kelahiran pada kedua wilayah sebesar Λ , dan karena adanya perpindahan populasi dari individu *susceptible* pada kedua wilayah melewati tiga wilayah sebesar σ dan δ , berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *susceptible* pada kedua wilayah sebesar d , selain itu juga berkurang karena adanya rate transmisi virus yang terjadi saat populasi dari individu *susceptible* bergerak dan bertemu dengan populasi dari individu *infected* pada kedua wilayah β .

Laju perubahan populasi dari individu *exposed* dapat bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* melewati tiga lintasan sebesar σ dan δ dan bertambah karena adanya rate transmisi virus yang terjadi saat populasi dari individu *susceptible* bergerak dan bertemu dengan populasi dari individu *infected* pada kedua wilayah sebesar β dan berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *exposed* sebesar d , selain itu juga berkurang karena adanya rate transisi populasi dari individu *exposed* menjadi populasi *infected* sebesar γ .

Laju perubahan populasi dari individu *infected* dapat bertambah karena adanya rate transisi populasi dari individu *exposed* menjadi populasi *infected* sebesar γ dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *exposed* yang berubah menjadi individu *infected* saat berada di lintasan sebesar σ . Namun laju perubahan populasi dapat berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *infected* sebesar d dan berkurang karena adanya pengobatan pada populasi dari individu *infected* sebesar u .

Laju perubahan populasi dari individu *treatment* dapat bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *treatment* melewati tiga lintasan sebesar σ dan δ serta bertambah karena adanya rate pengobatan yang diberikan pada populasi dari individu *infected* sebesar u dan berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *treatment* sebesar d , selain itu juga berkurang karena adanya rate transisi populasi dari individu *treatment* menjadi populasi *recovery* sebesar φ .

Laju perubahan populasi dari individu *recovery* dapat bertambah karena adanya rate transisi populasi dari individu *treatment* menjadi populasi *recovery* yang telah sembuh dari penyakit sebesar φ dan bertambah karena adanya perpindahan populasi dari individu *recovery* sebesar σ dan δ . Selanjutnya laju perubahan populasi dapat berkurang karena adanya kematian pada populasi dari individu *recovery* sebesar d .

Sehingga hasil konstruksi model pada sistem dengan penambahan pembagian populasi *treatment* dengan variabel T dapat diperoleh sebagai

berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \Lambda + \sigma S - \delta S - dS - \beta SI \\
\frac{dE}{dt} &= \sigma E - \delta E - dE + \beta SI - \gamma E \\
\frac{dI}{dt} &= \gamma E - uI - dI + \sigma I \\
\frac{dT}{dt} &= uI - \varphi T - dT - \delta T + \sigma T \\
\frac{dR}{dt} &= \varphi T + \sigma R - \delta R - dR
\end{aligned} \tag{4.6}$$

Parameter-parameter dan variabel yang digunakan adalah sebagai berikut:

$S(t)$: Jumlah populasi individu *susceptible* pada waktu t pada wilayah 1 dan 2

$E(t)$: Populasi individu-individu *exposed* yang terinfeksi pada waktu t pada wilayah 1 dan 2

$I(t)$: Populasi dari individu-individu terinfeksi pada waktu t dan dapat menularkan penyakit pada wilayah 1 dan 2.

$T(t)$: Populasi dari individu-individu *treatment* yang mendapatkan pengobatan pada waktu t pada wilayah 1 dan 2.

$R(t)$: Jumlah populasi individu-individu yang mengalami proses penyembuhan atas infeksi yang diderita pada wilayah 1 dan 2.

Λ : Banyaknya kelahiran pada wilayah 1 dan 2

σ : Rate traveling individu pada wilayah 1 dan 2

δ : Rate traveling individu pada wilayah 1 dan 2

d : Rate kematian alami yang dialami individu pada wilayah 1 dan 2

β : Rate transmisi virus pada individu *susceptible* saat bertemu dengan individu *infected* pada wilayah 1 dan 2

γ : Rate transisi populasi *exposed* menjadi *infected* pada wilayah 1 dan 2

u : Rate pengobatan pada populasi terinfeksi pada wilayah 1 dan 2

φ : Rate individu *treatment* menjadi populasi *recovery* pada wilayah 1 dan 2

α : Rate Perpindahan populasi pada wilayah 1 dan 2

N : Jumlah keseluruhan populasi yang bernilai konstan pada wilayah 1 dan 2

4.2 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan

Pada bagian ini dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan pada model epidemik pada dua wilayah dengan multi lintasan tipe SEITR. Langkah pertama adalah melakukan penyederhanaan sistem pada Persamaan 4.1 dan Persamaan 4.3 untuk menekankan terjadinya evolusi pada populasi yang diamati pada penelitian. Misalkan pada wilayah 1 terdapat S_1 dan ambil interval waktu $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$. Interaksi yang terjadi antara individu rentan dan terinfeksi menyebabkan terjadinya perubahan status dari individu rentan menjadi individu *exposed* atau tetap menjadi individu *susceptible*, dapat diambil sebarang $t = t_\delta$ dimana $t_1 < t_\delta < t_2$ terjadi interaksi antara individu (s_1, i_1) . Sehingga menyebabkan terjadinya perubahan secara proporsi sebesar p_1 dengan (s_1, i_1) menjadi e_1 atau dapat dikatakan bahwa perubahan pada proporsi yang disebabkan oleh virus pada populasi $\beta_1 S_1 I_1$ adalah $p_1 E_1$ atau bisa ditulis $(1 - p_1)S$. Dengan demikian untuk setiap $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$ terhadap transisi $\beta_1 S_1 I_1$ adalah $p_1 E_1$ sebesar $p_1 E_1$ dan $(1 - p_1)S_1$ dengan $0 < p_1 < 1$ sebagai proporsi yang berarti bahwa pada interval waktu tersebut individu s_1 yang diskontinu pada $t = t_\delta$ terdapat individu s_1 yang kontinu sebagai individu *susceptible*.

Sedemikian hingga hasil penyederhanaan sistem pada Persamaan 4.1 menjadi

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 + \sigma_1 S_1 - \delta_1 S_1 - d_1 S_1 - (1 - p_1)S_1$$

Menggunakan analogi yang sama dengan wilayah 1 terhadap wilayah 2, pada wilayah 2 terdapat populasi S_2 ambil interval waktu $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$. Sehingga penyederhanaan Persamaan 4.3 adalah

$$\frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 + \sigma_2 S_2 - \delta_2 S_2 - d_2 S_2 - (1 - p_2)S_2$$

Populasi *Exposed* pada wilayah 1 yaitu E_1 diambil interval waktu $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$. Individu E_1 akan berubah status menjadi individu I_1 dikarenakan adanya transisi penyakit yang awalnya belum tampak menjadi tampak. Dapat diambil sebarang $t = t_\delta$ dimana $t_3 < t_\delta < t_4$ terjadi transisi dari individu e_1 menjadi i_1). Sehingga menyebabkan terjadinya perubahan secara proporsi sebesar q_1 dengan e_1 menjadi i_1 atau dapat dikatakan bahwa perubahan pada proporsi yang disebabkan oleh virus pada populasi $\gamma_1 E_1$ adalah $q_1 I_1$ atau bisa ditulis $(1 - q_1)E$. Dengan demikian untuk setiap $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$ terhadap transisi $\gamma_1 E_1$ adalah $q_1 I_1$ sebesar $q_1 I_1$ dan $(1 - q_1)E_1$ dengan $0 < q_1 < 1$ dengan $(1 - q) = q$ sebagai proporsi yang berarti bahwa pada interval waktu tersebut individu e_1 yang diskontinu pada $t = t_\delta$ terdapat individu e_1 yang kontinu sebagai individu *exposed*. Sehingga hasil penyederhanaan sistem pada Persamaan 4.1 dapat ditulis menjadi

$$\frac{dE_1}{dt} = \sigma_1 E_1 - \delta_1 E_1 - d_1 E_1 + p_1 E - (1 - q_1)E_1$$

Menggunakan analogi yang sama dengan wilayah 1 terhadap wilayah 2, pada wilayah 2 terdapat populasi E_2 ambil interval waktu $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$. Sehingga penyederhanaan Persamaan 4.3 adalah

$$\frac{dE_2}{dt} = \sigma_2 E_2 - \delta_2 E_2 - d_2 E_2 + p_2 E - (1 - q_2) E_2$$

Misalkan pada wilayah 1 terdapat I_1 dan ambil interval waktu $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$. Adanya individu terinfeksi yang mendapatkan pengobatan menjadikan adanya perubahan status dari *infected* ke *treatment*, dapat diambil sebarang $t = t_\delta$ dimana $t_5 < t_\delta < t_6$. Sehingga menyebabkan terjadinya perubahan secara proporsi sebesar r_1 atau dapat dikatakan bahwa perubahan pada proporsi yang disebabkan oleh virus pada populasi $r_1 I_1$ adalah $(1 - r_1) I_1$ atau $r T_1$. Dengan demikian untuk setiap $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$ terhadap transisi $u I_1$ adalah $r_1 I_1$ sebesar $(1 - r_1) I_1$ dan $(r_1) T_1$ dengan $0 < r_1 < 1$ sebagai proporsi yang berarti bahwa pada interval waktu tersebut individu i_1 yang diskontinu pada $t = t_\delta$ terdapat individu i_1 yang kontinu sebagai individu *infected*.

Sedemikian hingga hasil penyederhanaan sistem pada Persamaan 4.1 menjadi

$$\frac{dI_1}{dt} = q_1 I_1 - (1 - r_1) I_1 - d_1 I_1 + \sigma_1 I_1$$

Menggunakan analogi yang sama dengan wilayah 1 terhadap wilayah 2, pada wilayah 2 terdapat populasi I_2 ambil interval waktu $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$. Sehingga penyederhanaan Persamaan 4.3 adalah

$$\frac{dI_2}{dt} = q_2 I_2 - (1 - r_2) I_2 - d_2 I_2 + \sigma_2 I_2$$

Misalkan pada wilayah 1 terdapat T_1 dan ambil interval waktu $t \in [t_7, t_8] \subset [0, \infty)$. Adanya individu *treatment* yang mengalami sembuh dari penyakit menjadikan adanya perubahan status dari *treatment* ke *recovery*, dapat diambil sebarang $t = t_\delta$ dimana $t_7 < t_\delta < t_8$. Sehingga menyebabkan terjadinya perubahan secara proporsi sebesar s_1 atau dapat dikatakan bahwa perubahan pada proporsi yang disebabkan oleh virus pada populasi $s_1 T_1$ adalah $(1 - s_1) T_1$ atau $s R_1$. Dengan demikian untuk setiap $t \in [t_7, t_8] \subset [0, \infty)$ terhadap transisi φT_1 adalah $s_1 T_1$ sebesar $(1 - s_1) T_1$ dan $(s_1) T_1$ dengan $0 < s_1 < 1$ sebagai proporsi yang berarti bahwa pada interval waktu tersebut individu T_1 yang diskontinu pada $t = t_\delta$ terdapat individu T_1 yang kontinu sebagai individu *treatment*.

Sedemikian hingga hasil penyederhanaan sistem pada Persamaan 4.1 menjadi

$$\frac{dT_1}{dt} = r_1 T_1 - (1 - s_1) T_1 - d_1 T_1 - \delta_1 T_1 + \sigma_1 T_1$$

Menggunakan analogi yang sama dengan wilayah 1 terhadap wilayah 2, pada wilayah 2 terdapat populasi I_2 ambil interval waktu $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$. Sehingga penyederhanaan Persamaan 4.3 adalah

$$\frac{dT_2}{dt} = r_2 T_2 - (1 - s_2) T_2 - d_2 T_2 - \delta_2 T_2 + \sigma_2 T_2$$

dan dari analogi diatas maka persamaan pada model populasi *Recovery*, terdapat populasi R_1 ambil interval waktu $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$ pada wilayah 1 dapat ditulis sebagai berikut

$$\frac{dR_1}{dt} = s_1R_1 + \sigma_1R_1 - \delta_1R_1 - d_1R_1$$

Menggunakan analogi yang sama dengan wilayah 1 terhadap wilayah 2, pada wilayah 2 terdapat populasi R_2 ambil interval waktu $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$. Sehingga penyederhanaan Persamaan 4.3 adalah

$$\frac{dR_2}{dt} = s_2R_2 + \sigma_2R_2 - \delta_2R_2 - d_2R_2$$

penyederhanaan pada sistem dilakukan untuk menekankan terjadinya evolusi pada individu yang diamati, hasil penyederhanaan sistem sesuai dengan evolusi virus yang terjadi pada tubuh individu pada wilayah 1 menjadi

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 + \sigma_1S_1 - \delta_1S_1 - d_1S_1 - (1 - p_1)S_1 \\ \frac{dE_1}{dt} &= \sigma_1E_1 - \delta_1E_1 - d_1E_1 + p_1E - (1 - q_1)E_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= q_1I_1 - (1 - r_1)I_1 - d_1I_1 + \sigma_1I_1 \\ \frac{dT_1}{dt} &= r_1T_1 - (1 - s_1)T_1 - d_1T_1 - \delta_1T_1 + \sigma_1T_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= s_1R_1 + \sigma_1R_1 - \delta_1R_1 - d_1R_1 \end{aligned}$$

dan penyederhanaan pada wilayah 2 diperoleh sistem sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 + \sigma_2S_2 - \delta_2S_2 - d_2S_2 - (1 - p_2)S_2 \\ \frac{dE_2}{dt} &= \sigma_2E_2 - \delta_2E_2 - d_2E_2 + p_2E - (1 - q_2)E_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= q_2I_2 - (1 - r_2)I_2 - d_2I_2 + \sigma_2I_2 \\ \frac{dT_2}{dt} &= r_2T_2 - (1 - s_2)T_2 - d_2T_2 - \delta_2T_2 + \sigma_2T_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= s_2R_2 + \sigma_2R_2 - \delta_2R_2 - d_2R_2 \end{aligned}$$

Langkah selanjutnya dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan dari sistem yang telah dilakukan penyederhanaan, untuk menunjukkan eksistensi dan ketunggalan penyelesaian dari sistem ditentukan konstanta *lipschitz* $k(t)$ yang memenuhi sebagai berikut

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

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap $t \in R$. Selanjutnya pada persamaan yang telah disederhanakan dapat dinyatakan dalam bentuk

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

atau dapat ditulis

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= f(S_1(t), t) \\ \frac{dE_1}{dt} &= f(E_1(t), t) \\ \frac{dI_1}{dt} &= f(I_1(t), t) \\ \frac{dT_1}{dt} &= f(T_1(t), t) \\ \frac{dR_1}{dt} &= f(R_1(t), t)\end{aligned}$$

dan pada model wilayah 2 sebagai berikut

$$\begin{aligned}\frac{dS_2}{dt} &= f(S_2(t), t) \\ \frac{dE_2}{dt} &= f(E_2(t), t) \\ \frac{dI_2}{dt} &= f(I_2(t), t) \\ \frac{dT_2}{dt} &= f(T_2(t), t) \\ \frac{dR_2}{dt} &= f(R_2(t), t)\end{aligned}$$

- a. Total populasi *susceptible* merupakan jumlahan dari populasi *susceptible* pada wilayah 1 dan 2, sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned}f(S(t), t) &= f(S_1(t), t) + f(S_2(t), t) \\ &= \Lambda_1 + \sigma_1 S_1 - \delta_1 S_1 - d_1 S_1 - (1 - p_1) S_1 + \Lambda_2 + \sigma_2 S_2 - \delta_2 S_2 \\ &\quad - d_2 S_2 - (1 - p_2) S_2\end{aligned}$$

- b. Total populasi *exposed* merupakan jumlahan dari populasi *exposed* pada wilayah 1 dan 2, sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned}f(E(t), t) &= f(E_1(t), t) + f(E_2(t), t) \\ &= \sigma_1 E_1 - \delta_1 E_1 - d_1 E_1 + p_1 E - (1 - q_1) E_1 + \sigma_2 E_2 - \delta_2 E_2 \\ &\quad - d_2 E_2 + p_2 E - (1 - q_2) E_2\end{aligned}$$

- c. Total populasi *infected* merupakan jumlahan dari populasi *infected* pada wilayah 1 dan 2, sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned}f(I(t), t) &= f(I_1(t), t) + f(I_2(t), t) \\ &= q_1 I_1 - (1 - r_1) I_1 - d_1 I_1 + \sigma_1 I_1 + q_2 I_2 - (1 - r_2) I_2 - d_2 I_2 + \sigma_2 I_2\end{aligned}$$

- d. Total populasi *treatment* merupakan jumlahan dari populasi *treatment* pada wilayah 1 dan 2, sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned} f(T(t), t) &= f(T_1(t), t) + f(T_2(t), t) \\ &= r_1 T_1 - (1 - s_1) T_1 - d_1 T_1 - \delta_1 T_1 + \sigma_1 T_1 + r_2 T_2 - (1 - s_2) T_2 \\ &\quad - d_2 T_2 - \delta_2 T_2 + \sigma_2 T_2 \end{aligned}$$

- e. Total populasi *recovery* merupakan jumlahan dari populasi *recovery* pada wilayah 1 dan 2, sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned} f(R(t), t) &= f(R_1(t), t) + f(R_2(t), t) \\ &= s_1 R_1 + \sigma_1 R_1 - \delta_1 R_1 - d_1 R_1 + s_2 R_2 + \sigma_2 R_2 - \delta_2 R_2 - d_2 R_2 \end{aligned}$$

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

$$X^1 = \{S_1^1, S_2^1, E_1^1, E_2^1, I_1^1, I_2^1, T_1^1, T_2^1, R_1^1, R_2^1, \}$$

$$X^2 = \{S_1^2, S_2^2, E_1^2, E_2^2, I_1^2, I_2^2, T_1^2, T_2^2, R_1^2, R_2^2, \}$$

Selanjutnya dicari nilai $k(t)$ yang merupakan konstanta *Lipchitz* dan memenuhi bentuk berikut

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

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{vmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \\ a_{51} \end{vmatrix}$$

dinyatakan sebagai $a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}$, dengan $i = 1, 2, 3, 4, 5$ maka

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{vmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \\ a_{51} \end{vmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1}\|$$

atau dapat ditulis

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

dengan $\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{i=1}^n |b_{i1}|$, dengan ketentuan $a_{i1} \leq \|b_{i1} + c_{i1}\|$.

Berdasarkan persamaan yang telah disederhakana dapat dibentuk sebagai berikut

1. *Susceptible*

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(S_1^1, t) - f(S_2^2, t) \\ a_{11} &= \{\Lambda_1 + \sigma_1 S_1^1 - \delta_1 S_1^1 - d_1 S_1^1 - (1 - p_1) S_1^1 + \Lambda_2 + \sigma_2 S_2^1 - \delta_2 S_2^1 - d_2 S_2^1 \\ &\quad - (1 - p_2) S_2^1\} - \{\Lambda_1 + \sigma_1 S_1^2 - \delta_1 S_1^2 - d_1 S_1^2 - (1 - p_1) S_1^2 + \Lambda_2 + \sigma_2 S_2^2 \\ &\quad - \delta_2 S_2^2 - d_2 S_2^2 - (1 - p_2) S_2^2\} \\ &= (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))(S_1^1 - S_1^2) + (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))(S_2^1 - S_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan $\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$ maka diperoleh

$$\|a_{11}\| \leq \|(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))(S_1^1 - S_1^2)\| + \|(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))(S_2^1 - S_2^2)\|$$

2. Exposed

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(E_1^1, t) - f(E_1^2, t) \\ a_{21} &= \{\sigma_1 E_1^1 - \delta_1 E_1^1 - d_1 E_1^1 + p_1 E_1^1 - (1 - q_1) E_1^1 + \sigma_2 E_2^1 - \delta_2 E_2^1 - d_2 E_2^1 \\ &\quad + p_2 E_2^1 - (1 - q_2) E_2^1\} - \{\sigma_1 E_1^2 - \delta_1 E_1^2 - d_1 E_1^2 + p_1 E_1^2 - (1 - q_1) E_1^2 \\ &\quad + \sigma_2 E_2^2 - \delta_2 E_2^2 - d_2 E_2^2 + p_2 E_2^2 - (1 - q_2) E_2^2\} \\ &= (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))(E_1^1 - E_1^2) + \\ &\quad (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))(E_2^1 - E_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan $\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$ maka diperoleh

$$\|a_{21}\| \leq \|(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))(E_1^1 - E_1^2)\| + \|(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))(E_2^1 - E_2^2)\|$$

3. Infected

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(I_1^1, t) - f(I_1^2, t) \\ a_{31} &= \{q_1 I_1^1 - (1 - r_1) I_1^1 - d_1 I_1^1 + \sigma_1 I_1^1 + q_2 I_2^1 - (1 - r_2) I_2^1 - d_2 I_2^1 + \sigma_2 I_2^1\} \\ &\quad - \{q_1 I_1^2 - (1 - r_1) I_1^2 - d_1 I_1^2 + \sigma_1 I_1^2 + q_2 I_2^2 - (1 - r_2) I_2^2 - d_2 I_2^2 + \sigma_2 I_2^2\} \\ &= (\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))(I_1^1 - I_1^2) + \\ &\quad (\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))(I_2^1 - I_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan $\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$ maka diperoleh

$$\|a_{31}\| \leq \|(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))(I_1^1 - I_1^2)\| + \|(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))(I_2^1 - I_2^2)\|$$

4. Treatment

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(T_1^1, t) - f(T_1^2, t) \\ a_{41} &= \{r_1 T_1^1 - (1 - s_1) T_1^1 - d_1 T_1^1 - \delta_1 T_1^1 + \sigma_1 T_1^1 + r_2 T_2^1 - (1 - s_2) T_2^1 \\ &\quad - d_2 T_2^1 - \delta_2 T_2^1 + \sigma_2 T_2^1\} - \{r_1 T_1^2 - (1 - s_1) T_1^2 - d_1 T_1^2 - \delta_1 T_1^2 \\ &\quad + \sigma_1 T_1^2 + r_2 T_2^2 - (1 - s_2) T_2^2 - d_2 T_2^2 - \delta_2 T_2^2 + \sigma_2 T_2^2\} \\ &= (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))(T_1^1 - T_1^2) + \\ &\quad (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))(T_2^1 - T_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan $\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$ maka diperoleh

$$\|a_{41}\| \leq \|(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))(T_1^1 - T_1^2)\| + \|(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))(T_2^1 - T_2^2)\|$$

5. Recovery

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(R_1^1, t) - f(R_1^2, t) \\ a_{51} &= \{s_1 R_1^1 + \sigma_1 R_1^1 - \delta_1 R_1^1 - d_1 R_1^1 + s_2 R_2^1 + \sigma_2 R_2^1 - \delta_2 R_2^1 - d_2 R_2^1\} \\ &\quad - \{s_1 R_1^2 + \sigma_1 R_1^2 - \delta_1 R_1^2 - d_1 R_1^2 + s_2 R_2^2 + \sigma_2 R_2^2 - \delta_2 R_2^2 - d_2 R_2^2\} \\ &= (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + S_1)(R_1^1 - R_1^2) + (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + S_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan $\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$ maka diperoleh

$$\|a_{51}\| \leq \|(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)(R_1^1 - R_1^2)\| + \|(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)(R_2^1 - R_2^2)\|$$

Selanjutnya pertidaksamaan $\|a_{11}\|, \|a_{21}\|, \|a_{31}\|, \|a_{41}\|, \|a_{51}\|$ dapat dibentuk

$$\text{norm sebagai berikut } \|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{pmatrix} \|a_{11}\| \\ \|a_{21}\| \\ \|a_{31}\| \\ \|a_{41}\| \\ \|a_{51}\| \end{pmatrix}$$

dinyatakan sebagai $a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}$, dengan $i = 1, 2, 3, 4, 5$ maka

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{pmatrix} \|a_{11}\| \\ \|a_{21}\| \\ \|a_{31}\| \\ \|a_{41}\| \\ \|a_{51}\| \end{pmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1}\|$$

atau dapat ditulis

$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$, sehingga diperoleh

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} \|a_{11}\| \\ \|a_{21}\| \\ \|a_{31}\| \\ \|a_{41}\| \\ \|a_{51}\| \end{pmatrix} &\leq \begin{pmatrix} (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))(S_1^1 - S_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))(E_1^1 - E_1^2) \\ (\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))(T_1^1 - T_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \\ &\quad + \begin{pmatrix} (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))(S_2^1 - S_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))(E_2^1 - E_2^2) \\ (\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))(T_2^1 - T_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \end{aligned}$$

sehingga $\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k_1(t)\|b_{i1}\| + k_2(t)\|c_{i1}\|$

Maka dapat ditentukan konstanta *lipschitz* $k(t)$ pada masing-masing wilayah sebagai berikut

4.2.1 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan pada Wilayah 1

Pada $k_1(t)$ merupakan konstanta *lipschitz* di wilayah 1, sehingga

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

$$\begin{aligned} |b_{11}| &= |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))| |(S_1^1 - S_1^2)| \\ |b_{21}| &= |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))| |(E_1^1 - E_1^2)| \\ |b_{31}| &= |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))| |(I_1^1 - I_1^2)| \\ |b_{41}| &= |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))| |(T_1^1 - T_1^2)| \\ |b_{51}| &= |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| |(R_1^1 - R_1^2)| \end{aligned}$$

maka

$$\begin{aligned} |b_{11}| &\leq \max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \} |(S_1^1 - S_1^2)| \\ |b_{21}| &\leq \max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \} |(E_1^1 - E_1^2)| \\ |b_{31}| &\leq \max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \} |(I_1^1 - I_1^2)| \\ |b_{41}| &\leq \max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \} |(T_1^1 - T_1^2)| \\ |b_{51}| &\leq \max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \} |(R_1^1 - R_1^2)| \end{aligned}$$

sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned} &\left\| \begin{array}{c} (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))(S_1^1 - S_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))(E_1^1 - E_1^2) \\ (\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))(T_1^1 - T_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)(R_1^1 - R_1^2) \end{array} \right\| \\ &\leq \max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, \\ &\quad |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))| \}, \end{aligned}$$

$$|(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \left\| \begin{pmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (T_1^1 - T_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))(S_1^1 - S_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))(E_1^1 - E_1^2) \\ (\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))(T_1^1 - T_1^2) \\ (\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k_1(t) \left\| \begin{pmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (T_1^1 - T_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk memenuhi nilai maksimum mutlak dari $\max_i \{ |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - (1 - p_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + p_1 - (1 - q_1))|, |(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + r_1 - (1 - s_1))|, |(\sigma_1 - \delta_1 - d_1 + s_1)| \}$ pada wilayah 1, diasumsikan bahwa subpopulasi *Infected* dapat menyebarkan virus secara luas di wilayahnya sendiri. Oleh karena itu pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *Infected* untuk wilayah 1

$$\max_i \{ |((\sigma_1)_{max} - (\delta_1 + d_1 + (1 - p_1)_{min}))|, |((\sigma_1 + p_1)_{max} - (\delta_1 + d_1 + (1 - q_1)_{min}))|, |((\sigma_1 + q_1)_{max} - (d_1 + (1 - r_1)_{min}))|, |((\sigma_1 + r_1)_{max} - (\delta_1 + d_1 + (1 - s_1)_{min}))|, |((\sigma_1 + s_1)_{max} - (\delta_1 - d_1)_{min})| \}$$

Nilai maksimum tersebut merupakan konstanta *Lipschitz* $k_1(t)$ dari masing-masing perubahan pada subpopulasi dan sangat mempengaruhi konstruksi model penyebaran virus pada wilayah 1. Pada penelitian ini diamati untuk subpopulasi *Infected* dengan $|(\sigma_1 - d_1 + q_1 - (1 - r_1))|$ merupakan parameter dari subpopulasi *Infected* pada wilayah 1. Jika subpopulasi *Infected* pada wilayah 1 mempunyai penyebaran virus yang sangat luas pada saat $((\sigma_1 + q_1)_{max})$ dan untuk $(d_1 + (1 - r_1)_{min})$. Oleh karena itu subpopulasi *Infected* pada wilayah 1 diperoleh konstanta *Lipschitz* $k_1(t) = |((\sigma_1 + q_1)_{max} + (d_1 + (1 - r_1)_{min}))|$.

4.2.2 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan pada Wilayah 2

Pada $k_2(t)$ merupakan konstanta *lipschitz* di wilayah 2, sehingga

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

$$\begin{aligned} |c_{11}| &= |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))| |(S_2^1 - S_2^2)| \\ |c_{21}| &= |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))| |(E_2^1 - E_2^2)| \\ |c_{31}| &= |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))| |(I_2^1 - I_2^2)| \\ |c_{41}| &= |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))| |(T_2^1 - T_2^2)| \\ |c_{51}| &= |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| |(R_2^1 - R_2^2)| \end{aligned}$$

maka

$$|c_{11}| \leq \max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, \}$$

$$\begin{aligned}
& |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, \\
& |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \} |(S_2^1 - S_2^2)| \\
|c_{21}| & \leq \max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, \\
& |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, \\
& |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \} |(E_2^1 - E_2^2)| \\
|c_{31}| & \leq \max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, \\
& |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, \\
& |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \} |(I_2^1 - I_2^2)| \\
|c_{41}| & \leq \max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, \\
& |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, \\
& |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \} |(T_2^1 - T_2^2)| \\
|c_{51}| & \leq \max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, \\
& |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, \\
& |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \} |(R_2^1 - R_2^2)|
\end{aligned}$$

sehingga dapat ditulis sebagai berikut

$$\begin{aligned}
& \left\| \begin{array}{c} (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))(S_2^1 - S_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))(E_2^1 - E_2^2) \\ (\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))(T_2^1 - T_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{array} \right\| \\
& \leq \max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, \\
& |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, \\
& |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \} \left\| \begin{array}{c} (S_2^1 - S_2^2) \\ (E_2^1 - E_2^2) \\ (I_2^1 - I_2^2) \\ (T_2^1 - T_2^2) \\ (R_2^1 - R_2^2) \end{array} \right\|
\end{aligned}$$

atau

$$\left\| \begin{array}{c} (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))(S_2^1 - S_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))(E_2^1 - E_2^2) \\ (\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))(T_2^1 - T_2^2) \\ (\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{array} \right\| \leq k_1(t) \left\| \begin{array}{c} (S_2^1 - S_2^2) \\ (E_2^1 - E_2^2) \\ (I_2^1 - I_2^2) \\ (T_2^1 - T_2^2) \\ (R_2^1 - R_2^2) \end{array} \right\|$$

Untuk memenuhi nilai maksimum mutlak dari $\max_i \{ |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - (1 - p_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + p_2 - (1 - q_2))|, |(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + r_2 - (1 - s_2))|, |(\sigma_2 - \delta_2 - d_2 + s_2)| \}$ pada wilayah 2, diasumsikan bahwa populasi *Infected* dapat menyebarkan virus secara luas di wilayahnya sendiri. Oleh karena itu pengamatan hanya

dilakukan pada subpopulasi *Infected* untuk wilayah 2

$$\max_i \{ |((\sigma_2)_{max} - (\delta_2 + d_2 + (1 - p_2)_{min}))|, |((\sigma_2 + p_2)_{max} - (\delta_2 + d_2 + (1 - q_2)_{min}))|, |((\sigma_2 + q_2)_{max} - (d_2 + (1 - r_2)_{min}))|, |((\sigma_2 + r_2)_{max} - (\delta_2 + d_2 + (1 - s_2)_{min}))|, |((\sigma_2 + s_2)_{max} - (\delta_2 - d_2)_{min})| \}$$

Nilai maksimum tersebut merupakan konstanta *Lipschitz* $k_2(t)$ dari masing-masing perubahan pada populasi dan sangat mempengaruhi konstruksi model penyebaran virus pada wilayah 2. Pada penelitian ini diamati untuk populasi *Infected* dengan $|(\sigma_2 - d_2 + q_2 - (1 - r_2))|$ merupakan parameter dari subpopulasi *Infected* pada wilayah 2. Jika populasi *Infected* pada wilayah 2 mempunyai penyebaran virus yang sangat luas pada saat $((\sigma_2 + q_2)_{max})$ dan untuk $(d_2 + (1 - r_2)_{min})$. Oleh karena itu populasi *Infected* pada wilayah 1 diperoleh konstanta *Lipschitz* $k_2(t) = |((\sigma_2 + q_2)_{max}) + (d_2 + (1 - r_2)_{min})|$.

4.3 Penyelesaian Positif

Pada model perlu dicari penyelesaian positifnya sebelum ditunjukkan bahwa sistem memiliki aliran kontinu dan dinamis

4.3.1 Penyelesaian Positif Model pada Wilayah 1

Total populasi dari sistem 4.2 di wilayah satu didapatkan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dN_1}{dt} &= \frac{dS_1}{dt} + \frac{dE_1}{dt} + \frac{dI_1}{dt} + \frac{dT_1}{dt} + \frac{dR_1}{dt} \\ &= \Lambda_1 + \sigma_1 S_1 - \delta_1 S_1 - d_1 S_1 - \beta_1 S_1 I_1 + \sigma_1 E_1 - \delta_1 E_1 - d_1 E_1 + \beta_1 S_1 I_1 - \\ &\quad \gamma_1 E_1 + \gamma_1 E_1 - u_1 I_1 - d_1 I_1 + \sigma_1 I_1 + u_1 I_1 - \varphi_1 T_1 - d_1 T_1 - \delta_1 T_1 + \\ &\quad \sigma_1 T_1 + \varphi_1 T_1 + \sigma_1 R_1 - \delta_1 R_1 - d_1 R_1 \\ &= \Lambda_1 + \sigma_1 (S_1 + E_1 + I_1 + T_1 + R_1) - \delta_1 (S_1 + E_1 + T_1 + R_1) - \\ &\quad d_1 (S_1 + E_1 + I_1 + T_1 + R_1) \\ &= \Lambda_1 + \sigma_1 N_1 - \delta_1 (N_1 - I_1) - d_1 N_1 \\ &= \Lambda_1 + (\sigma_1 - \delta_1 - d_1) N_1 + \delta_1 I_1 \end{aligned} \tag{4.7}$$

dengan memisalkan

$\frac{dN_1}{dt}$ adalah non-negatif maka persamaan 4.8 menjadi

$$\frac{dN_1}{dt} = \Lambda_1 + (\sigma_1 - \delta_1 - d_1) N_1 + \delta_1 I_1 \geq 0$$

dengan begitu

$$\frac{dN_1}{dt} > \Lambda_1 + (\sigma_1 - \delta_1 - d_1) N_1$$

untuk menyelesaikan persamaan differensial tingkat satu maka pertidaksamaan akan diubah menjadi persamaan dengan memberikan $\exists \xi_1 > 0$. Sehingga pertidaksamaan dapat diubah menjadi

$$\frac{dN_1}{dt} - \xi_1 = \Lambda_1 + (\sigma_1 - \delta_1 - d_1) N_1$$

$$\frac{dN_1}{dt} - (\sigma_1 - \delta_1 - d_1)N_1 = \Lambda_1 + \xi_1$$

Oleh karena itu dapat dilakukan penyelesaian penyelesaian differensial tingkat satu sebagai berikut: dengan $p(t) = -(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)$ dan $Q(t) = \Lambda_1 + \xi_1$ sehingga $V = e^{\int -(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)dt} = e^{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)t}$ maka didapatkan

$$\begin{aligned} N_1(t).e^{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)t} &= \int (\Lambda_1 + \xi_1).e^{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)t} dt + c \\ N_1(t).e^{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)t} &= \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)}.e^{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)t} + c \\ N_1(t) &= \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} + c.e^{(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)t} \end{aligned}$$

diberikan kondisi awal yaitu $t = 0$

$$\begin{aligned} N_1(0) &= \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} + c.e^0 \\ N_0(t) &= \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} + c \\ c &= N_1(0) + \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} \end{aligned}$$

sehingga persamaan menjadi

$$N_1(t) = \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} + \left(N_1(0) + \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} \right).e^{-(-\sigma_1 + \delta_1 + d_1)t}$$

dan untuk $t \rightarrow \infty$ didapatkan

$$N_1(t) = \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)}$$

maka

$$0 \leq N_1(t) \leq \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)}$$

sehingga total populasi pada wilayah 1 memiliki penyelesaian terbatas dengan daerah penyelesaiannya adalah

$$\begin{aligned} \Omega_1 &= \{(S_1, E_1, I_1, T_1, R_1) | S_1 > 0; E_1 \geq 0; I_1 \geq 0; T_1 \geq 0; R_1 \geq 0; S_1 + E_1 + I_1 + T_1 + R_1 \\ &\leq \frac{(\Lambda_1 + \xi_1)}{-(\sigma_1 - \delta_1 - d_1)} \end{aligned}$$

4.3.2 Penyelesaian Positif Model pada Wilayah 2

Total populasi dari sistem 4.4 di wilayah 2 didapatkan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{dN_2}{dt} &= \frac{dS_2}{dt} + \frac{dE_2}{dt} + \frac{dI_2}{dt} + \frac{dT_2}{dt} + \frac{dR_2}{dt} \\
&= \Lambda_2 + \sigma_2 S_2 - \delta_2 S_2 - d_2 S_2 - \beta_2 S_2 I_2 + \sigma_2 E_2 - \delta_2 E_2 - d_2 E_2 + \beta_2 S_2 I_2 - \\
&\quad \gamma_2 E_2 + \gamma_2 E_2 - u_2 I_2 - d_2 I_2 + \sigma_2 I_2 + u_2 I_2 - \varphi_2 T_2 - d_2 T_2 - \delta_2 T_2 + \\
&\quad \sigma_2 T_2 + \varphi_2 T_2 + \sigma_2 R_2 - \delta_2 R_2 - d_2 R_2 \\
&= \Lambda_2 + \sigma_2 (S_2 + E_2 + I_2 + T_2 + R_2) - \delta_2 (S_2 + E_2 + T_2 + R_2) - \\
&\quad d_2 (S_2 + E_2 + I_2 + T_2 + R_2) \\
&= \Lambda_2 + \sigma_2 N_2 - \delta_2 (N_2 - I_2) - dN_2 \\
&= \Lambda_2 + (\sigma_2 - \delta_2 - d)N_2 + \delta_2 I_2
\end{aligned} \tag{4.8}$$

dengan memisalkan

$\frac{dN_2}{dt}$ adalah non-negatif maka persamaan 4.8 menjadi

$$\frac{dN_2}{dt} = \Lambda_2 + (\sigma_2 - \delta_2 - d)N_2 + \delta_2 I_2 \geq 0$$

dengan begitu

$$\frac{dN_2}{dt} > \Lambda_2 + (\sigma_2 - \delta_2 - d)N_2$$

untuk menyelesaikan persamaan differensial tingkat satu maka pertidaksamaan akan diubah menjadi persamaan dengan memberikan $\exists \xi_2 > 0$. Sehingga pertidaksamaan dapat diubah menjadi

$$\begin{aligned}
\frac{dN_2}{dt} - \xi_2 &= \Lambda_2 + (\sigma_2 - \delta_2 - d)N_2 \\
\frac{dN_2}{dt} - (\sigma_2 - \delta_2 - d)N_2 &= \Lambda_2 + \xi_2
\end{aligned}$$

Oleh karena itu dapat dilakukan penyelesaian penyelesaian differensial tingkat satu sebagai berikut: dengan $p(t) = -(\sigma_2 - \delta_2 - d)$ dan $Q(t) = \Lambda_2 + \xi_2$ sehingga $V = e^{\int -(\sigma_2 - \delta_2 - d)dt} = e^{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)t}$ maka didapatkan

$$\begin{aligned}
N_2(t).e^{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)t} &= \int (\Lambda_2 + \xi_2).e^{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)t} dt + c \\
N_2(t).e^{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)t} &= \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)}.e^{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)t} + c \\
N_2(t) &= \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)} + c.e^{(\sigma_2 - \delta_2 - d)t}
\end{aligned}$$

diberikan kondisi awal yaitu $t = 0$

$$N_2(0) = \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d)} + c.e^0$$

$$N_0(t) = \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)} + c$$

$$c = N_2(0) + \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)}$$

sehingga persamaan menjadi

$$N_2(t) = \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)} + \left(N_2(0) + \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)} \right) \cdot e^{-(-\sigma_2 + \delta_2 + d_2)t}$$

dan untuk $t \rightarrow \infty$ didapatkan

$$N_2(t) = \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)}$$

maka

$$0 \leq N_2(t) \leq \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)}$$

sehingga total populasi pada wilayah 2 memiliki penyelesaian terbatas dengan daerah penyelesaiannya adalah

$$\Omega_2 = \{(S_2, E_2, I_2, T_2, R_2) | S_2 > 0; E_2 \geq 0; I_2 \geq 0; T_2 \geq 0; R_2 \geq 0; S_2 + E_2 + I_2 + T_2 + R_2 \leq \frac{(\Lambda_2 + \xi_2)}{-(\sigma_2 - \delta_2 - d_2)}\}$$

4.4 Titik Kesetimbangan Endemik Model Epidemik pada Dua Wilayah dengan Tiga Lintasan Tipe SEITR

Berdasarkan definisi titik tetap, suatu x^* merupakan titik tetap pada sistem $\dot{x} = F(x)$ jika x^* memenuhi $F(x^*) = 0$. Oleh karena itu pada model diatas, titik tetap pada sistem dapat diperoleh sebagai berikut

4.4.1 Titik Kesetimbangan Model pada wilayah 1

Pada Persamaan 4.2 diperoleh titik kesetimbangan pada individu pada wilayah 1 sesuai definisi titik tetap dapat diperoleh dengan

$$\frac{dS_1}{dt} = 0, \frac{dE_1}{dt} = 0, \frac{dI_1}{dt} = 0, \frac{dT_1}{dt} = 0, \frac{dR_1}{dt} = 0$$

sehingga diperoleh persamaan sebagai berikut

$$\begin{aligned} S_1 &= \frac{-\Lambda_1}{\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \beta_1 I_1} \\ E_1 &= \frac{-\beta_1 S_1 I_1}{\sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \gamma_1} \\ I_1 &= \frac{-\gamma_1 E_1}{\sigma_1 - u_1 - d_1} \\ T_1 &= \frac{-u_1 I_1}{\sigma_1 - \delta_1 - \varphi_1 - d_1} \\ R_1 &= \frac{-\varphi_1 T_1}{\sigma_1 - \delta_1 - d_1} \end{aligned} \tag{4.9}$$

dilakukan substitusi dari Persamaan 4.9 diperoleh titik kesetimbangan endemik pada model epidemik wilayah 1

$$\begin{aligned}
S_1^* &= \frac{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}{\gamma_1 \beta_1} \\
E_1^* &= \frac{-\gamma_1 \beta_1 \Lambda_1 - (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)}{\gamma_1 \beta_1 (\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)} \\
I_1^* &= \frac{\gamma_1 \beta_1 \Lambda_1 + (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)}{\beta_1 (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)} \\
T_1^* &= \frac{-u_1 (\gamma_1 \beta_1 \Lambda_1 + (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1))}{\beta_1 (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - \varphi_1 - d_1 - \delta_1)} \\
R_1^* &= \frac{\varphi_1 u_1 (\gamma_1 \beta_1 \Lambda_1 + (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1))}{\beta_1 (\sigma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - \varphi_1 - d_1 - \delta_1)}
\end{aligned} \tag{4.10}$$

Pada masing-masing populasi atas individu di tiap kompartemen memiliki jumlah yang bernilai positif. Oleh karena itu nilai titik kesetimbangan yang diperoleh akan bernilai positif. Dalam hal ini setiap parameter yang digunakan pada model adalah bernilai positif. Diberikan syarat $\sigma_1 < u_1 + d_1$, $\sigma_1 < \gamma_1 + d_1 + \delta_1$, $\sigma_1 < d_1 + \delta_1$, $\sigma_1 < \varphi_1 + d_1 + \delta_1$.

4.4.2 Titik Kesetimbangan Model pada Wilayah 2

Pada Persamaan 4.4 diperoleh titik kesetimbangan pada individu pada wilayah 2 sesuai definisi titik tetap dapat diperoleh dengan

$$\frac{dS_2}{dt} = 0, \frac{dE_2}{dt} = 0, \frac{dI_2}{dt} = 0, \frac{dT_2}{dt} = 0, \frac{dR_2}{dt} = 0$$

sehingga diperoleh persamaan sebagai berikut

$$\begin{aligned}
S_2 &= \frac{-\Lambda_2}{\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \beta_2 I_2} \\
E_2 &= \frac{-\beta_2 S_2 I_2}{\sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \gamma_2} \\
I_2 &= \frac{-\gamma_2 E_2}{\sigma_2 - u_2 - d_2} \\
T_2 &= \frac{-u_2 I_2}{\sigma_2 - \delta_2 - \varphi_2 - d_2} \\
R_2 &= \frac{-\varphi_2 T_2}{\sigma_2 - \delta_2 - d_2}
\end{aligned} \tag{4.11}$$

sehingga dapat dilakukan substitusi dan diperoleh titik kesetimbangan sebagai berikut

$$\begin{aligned}
S_2^* &= \frac{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}{\gamma_2 \beta_2} \\
E_2^* &= \frac{-\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 - (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)}{\gamma_2 \beta_2 (\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
I_2^* &= \frac{\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 + (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)}{\beta_2(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)} \\
T_2^* &= \frac{-u_2(\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 + (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2))}{\beta_2(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - \varphi_2 - d_2 - \delta_2)} \\
R_2^* &= \frac{\varphi_2 u_2(\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 + (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2))}{\beta_2(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - \varphi_2 - d_2 - \delta_2)}
\end{aligned}$$

Pada masing-masing populasi atas individu di tiap kompartemen memiliki jumlah yang bernilai positif. Oleh karena itu nilai titik kesetimbangan yang diperoleh akan bernilai positif. Dalam hal ini setiap parameter yang digunakan pada model adalah bernilai positif. Diberikan syarat $\sigma_2 < u_2 + d_2$, $\sigma_2 < \gamma_2 + d_2 + \delta_2$, $\sigma_2 < d_2 + \delta_2$, $\sigma_2 < \varphi_2 + d_2 + \delta_2$.

4.4.3 Titik Kesetimbangan Model pada Wilayah 1 dan 2

Pada Persamaan 4.6 diperoleh titik kesetimbangan pada individu pada sistem sesuai definisi titik tetap dapat diperoleh dengan

$$\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dE}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \frac{dT}{dt} = 0, \frac{dR}{dt} = 0$$

sehingga diperoleh persamaan sebagai berikut

$$\begin{aligned}
S &= \frac{-\Lambda}{\sigma - \delta - d - \beta I} \\
E &= \frac{-\beta SI}{\sigma - \delta - d - \gamma} \\
I &= \frac{-\gamma E}{\sigma - u - d} \\
T &= \frac{-uI}{\sigma - \delta - \varphi - d} \\
R &= \frac{-\varphi T}{\sigma - \delta - d}
\end{aligned} \tag{4.12}$$

sehingga dapat dilakukan substitusi dan diperoleh titik kesetimbangan sebagai berikut

$$\begin{aligned}
S^* &= \frac{(\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)}{\gamma \beta} \\
E^* &= \frac{-\gamma \beta \Lambda - (\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)(\sigma - d - \delta)}{\gamma \beta(\sigma - \gamma - d - \delta)} \\
I^* &= \frac{\gamma \beta \Lambda + (\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)(\sigma - d - \delta)}{\beta(\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)} \\
T^* &= \frac{-u(\gamma \beta \Lambda + (\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)(\sigma - d - \delta))}{\beta(\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)(\sigma - \varphi - d - \delta)} \\
R^* &= \frac{\varphi u(\gamma \beta \Lambda + (\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)(\sigma - d - \delta))}{\beta(\sigma - d - \delta)(\sigma - u - d)(\sigma - \gamma - d - \delta)(\sigma - \varphi - d - \delta)}
\end{aligned}$$

Pada masing-masing populasi individu pada sistem memiliki jumlah bernilai positif. Oleh karena itu nilai titik kesetimbangan yang diperoleh akan bernilai

positif. Dalam hal ini setiap parameter yang digunakan pada model adalah bernilai positif. Diberikan syarat $\sigma < u + d$, $\sigma < \gamma + d + \delta$, $\sigma < d + \delta$, $\sigma < \varphi + d + \delta$.

4.5 Analisis Kestabilan Sistem

Analisis kestabilan dapat ditentukan dengan menganalisis nilai eigen yang diperoleh berdasarkan sistem pada persekitaran titik setimbang, untuk matriks Jacobi pada sistem dapat dinyatakan sebagai berikut

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial T} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial T} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial T} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial T} & \frac{\partial f_4}{\partial R} \\ \frac{\partial f_5}{\partial S} & \frac{\partial f_5}{\partial E} & \frac{\partial f_5}{\partial I} & \frac{\partial f_5}{\partial T} & \frac{\partial f_5}{\partial R} \end{bmatrix}_{x^*}$$

dimana x^* merupakan titik kesetimbangan pada sistem.

4.5.1 Analisis Kestabilan Sistem pada Wilayah 1

$$\begin{aligned} f_1 &= \frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 + \sigma_1 S_1 - \delta_1 S_1 - d_1 S_1 - \beta_1 S_1 I_1 \\ f_2 &= \frac{dE_1}{dt} = \sigma_1 E_1 - \delta_1 E_1 - d_1 E_1 + \beta_1 S_1 I_1 - \gamma_1 E_1 \\ f_3 &= \frac{dI_1}{dt} = \gamma_1 E_1 - u_1 I_1 - d_1 I_1 + \sigma_1 I_1 \\ f_4 &= \frac{dT_1}{dt} = u_1 I_1 - \varphi_1 T_1 - d_1 T_1 - \delta_1 T_1 + \sigma_1 T_1 \\ f_5 &= \frac{dR_1}{dt} = \varphi_1 T_1 + \sigma_1 R_1 - \delta_1 R_1 - d_1 R_1 \end{aligned} \quad (4.13)$$

Untuk titik kesetimbangan endemik maka akan diperoleh nilai Jacobi sebagai berikut

$$J_1 = \begin{bmatrix} \sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \beta_1 I_1 & 0 & -\beta_1 S_1 & 0 & 0 \\ \beta_1 I_1 & \sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \gamma_1 & \beta_1 S_1 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_1 & \sigma_1 - u_1 - d_1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u_1 & \sigma_1 - \varphi_1 - d_1 - \delta_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varphi_1 & \sigma_1 - d_1 - \delta_1 \end{bmatrix}_{x_1^*}$$

misalkan

$$J_1 = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} & a_{15} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} & a_{25} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} & a_{35} \\ a_{41} & a_{42} & a_{43} & a_{44} & a_{45} \\ a_{51} & a_{52} & a_{53} & a_{54} & a_{55} \end{bmatrix}_{x_1^*} = \begin{bmatrix} a_{11} & 0 & a_{13} & 0 & 0 \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & 0 & 0 \\ 0 & a_{32} & a_{33} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{43} & a_{44} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & a_{54} & a_{55} \end{bmatrix}_{x_1^*}$$

dengan

$$\begin{aligned} a_{11} &= \sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \beta_1 I_1 \\ &= \sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \beta_1 \left(\frac{\gamma_1 \beta_1 \Lambda_1 + (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)}{\beta_1(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)} \right) \end{aligned}$$

$$= -\frac{\gamma_1\beta_1\Lambda_1}{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}$$

a_{11} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu. Jika σ_1 kurang dari u_1 dan d_1 , σ_1 kurang dari γ_1 , δ_1 dan d_1 sehingga a_{11} bernilai negatif.

$$\begin{aligned} a_{13} &= -\beta_1 S_1 \\ &= -\beta_1 \frac{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}{\gamma_1\beta_1} = \frac{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}{-\gamma_1} \end{aligned}$$

a_{13} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2. Jika σ_1 kurang dari u_1 dan d_1 , σ_1 kurang dari γ_1 , δ_1 dan d_1 sehingga a_{13} bernilai negatif.

$$a_{21} = \beta_1 I_1 = \frac{\gamma_1\beta_1\Lambda_1 + (\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)}{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}$$

a_{21} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah I menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu. Jika σ_1 kurang dari u_1 dan d_1 , σ_1 kurang dari γ_1 , δ_1 dan d_1 , σ_1 kurang dari δ_1 dan d_1 sehingga a_{21} bernilai positif, untuk $\gamma_1\beta_1\Lambda_1 > -(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)$.

$$a_{22} = \sigma_1 - \delta_1 - d_1 - \gamma_1$$

a_{22} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2. Jika σ_1 kurang dari γ_1 , δ_1 dan d_1 sehingga a_{22} bernilai negatif.

$$\begin{aligned} a_{23} &= \beta_1 S_1 \\ &= \beta_1 \frac{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}{\gamma_1\beta_1} = \frac{(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)}{\gamma_1} \end{aligned}$$

a_{23} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1

adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah II. Jika σ_1 kurang dari u_1 dan d_1 , σ_1 kurang dari γ_1 , δ_1 dan d_1 sehingga a_{23} bernilai positif.

$$a_{32} = \gamma_1$$

a_{32} dipengaruhi oleh parameter γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, sehingga a_{32} bernilai positif.

$$a_{33} = \sigma_1 - u_1 - d_1$$

a_{33} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, d_1 adalah rate kematian individu. Jika σ_1 kurang dari u_1 dan d_1 , sehingga a_{33} bernilai negatif.

$$a_{43} = u_1$$

a_{43} dipengaruhi oleh parameter u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, sehingga a_{43} bernilai positif.

$$a_{44} = \sigma_1 - \varphi_1 - d_1 - \delta_1$$

a_{44} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, φ_1 adalah rate individu yang sembuh dari penyakit pada wilayah 1, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2. Jika σ_1 kurang dari φ_1 dan d_1 dan δ_1 , sehingga a_{44} bernilai negatif.

$$a_{54} = \varphi_1$$

a_{54} dipengaruhi oleh parameter φ_1 adalah rate individu yang sembuh dari penyakit pada wilayah 1, sehingga a_{54} bernilai positif.

$$a_{55} = \sigma_1 - d_1 - \delta_1$$

a_{55} dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2. Jika σ_1 kurang dari d_1 dan δ_1 , sehingga a_{55} bernilai negatif.

$$|J_1 - \lambda I| = 0$$

sehingga dapat diperoleh

$$|J_1 - \lambda I| = \begin{vmatrix} a_{11} - \lambda & 0 & a_{13} & 0 & 0 \\ a_{21} & a_{22} - \lambda & a_{23} & 0 & 0 \\ 0 & a_{32} & a_{33} - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{43} & a_{44} - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & a_{54} & a_{55} - \lambda \end{vmatrix}$$

$$\begin{aligned}
&= (a_{11} - \lambda)(a_{22} - \lambda)(a_{33} - \lambda)(a_{44} - \lambda)(a_{55} - \lambda) \\
&\quad - a_{23}a_{32}(a_{11} - \lambda)(a_{44} - \lambda)(a_{55} - \lambda) \\
&\quad + a_{13}a_{21}a_{32}(a_{44} - \lambda)(a_{55} - \lambda)
\end{aligned}$$

dengan

$$\begin{aligned}
a_5 &= -1 \\
a_4 &= a_{11} + a_{22} + a_{33} + a_{44} + a_{55} \\
a_3 &= -a_{11}a_{22} - a_{11}a_{33} - a_{22}a_{33} + a_{23}a_{32} - a_{11}a_{44} - a_{22}a_{44} - a_{33}a_{44} - a_{11}a_{55} \\
&\quad - a_{22}a_{55} - a_{33}a_{55} - a_{44}a_{55} \\
a_2 &= a_{11}a_{22}a_{33} + a_{13}a_{21}a_{32} - a_{11}a_{23}a_{32} + a_{11}a_{22}a_{44} + a_{11}a_{33}a_{44} + a_{22}a_{33}a_{44} \\
&\quad - a_{23}a_{32}a_{44} + a_{11}a_{22}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{55} + a_{22}a_{33}a_{55} - a_{23}a_{32}a_{55} \\
&\quad + a_{11}a_{44}a_{55} + a_{22}a_{44}a_{55} + a_{33}a_{44}a_{55} \\
a_1 &= -a_{11}a_{22}a_{33}a_{44} - a_{13}a_{21}a_{32}a_{44} + a_{11}a_{23}a_{32}a_{44} - a_{11}a_{22}a_{33}a_{55} - a_{13}a_{21}a_{32}a_{55} \\
&\quad + a_{11}a_{23}a_{32}a_{55} - a_{11}a_{22}a_{44}a_{55} - a_{11}a_{33}a_{44}a_{55} - a_{22}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{23}a_{32}a_{44}a_{55} \\
a_0 &= a_{11}a_{22}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{13}a_{21}a_{32}a_{44}a_{55} - a_{11}a_{23}a_{32}a_{44}a_{55}
\end{aligned}$$

dengan penjelasan sebagai berikut

$$a_4 = a_{11} + a_{22} + a_{33} + a_{44} + a_{55}$$

a_4 dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu, φ_1 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $a_{11}, a_{22}, a_{33}, a_{44}, a_{55}$ bernilai negatif, maka a_4 bernilai negatif.

$$\begin{aligned}
a_3 &= -a_{11}a_{22} - a_{11}a_{33} - a_{22}a_{55} + a_{23}a_{32} - a_{11}a_{44} - a_{22}a_{44} - a_{33}a_{44} - a_{11}a_{55} \\
&\quad - a_{22}a_{55} - a_{33}a_{55} - a_{44}a_{55}
\end{aligned}$$

a_3 dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu, φ_1 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $a_{11}, a_{22}, a_{33}, a_{44}, a_{55}$ bernilai negatif, dan a_{23}, a_{32} bernilai positif, jika $a_{23}a_{32} < a_{11}a_{22} + a_{11}a_{33} + a_{22}a_{55} + a_{11}a_{44} + a_{22}a_{44} + a_{33}a_{44} + a_{11}a_{55} + a_{22}a_{55} + a_{33}a_{55} + a_{44}a_{55}$ maka a_3 bernilai negatif.

$$\begin{aligned}
a_2 &= a_{11}a_{22}a_{33} + a_{13}a_{21}a_{32} - a_{11}a_{23}a_{32} + a_{11}a_{22}a_{44} + a_{11}a_{33}a_{44} + a_{22}a_{33}a_{44} \\
&\quad - a_{23}a_{32}a_{44} + a_{11}a_{22}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{55} + a_{22}a_{33}a_{55} - a_{23}a_{32}a_{55} \\
&\quad + a_{11}a_{44}a_{55} + a_{22}a_{44}a_{55} + a_{33}a_{44}a_{55}
\end{aligned}$$

a_2 dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu, φ_1 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $a_{11}, a_{22}, a_{33}, a_{44}, a_{55}, a_{13}$ bernilai negatif, dan a_{21}, a_{23}, a_{32} bernilai positif. Jika $a_{11}a_{22}a_{33} + a_{13}a_{21}a_{32} + a_{11}a_{22}a_{44} + a_{11}a_{33}a_{44} + a_{22}a_{33}a_{44} + a_{11}a_{22}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{55} + a_{22}a_{33}a_{55} + a_{11}a_{44}a_{55} + a_{22}a_{44}a_{55} + a_{33}a_{44}a_{55} < a_{11}a_{23}a_{32} + a_{23}a_{32}a_{44} + a_{23}a_{32}a_{55}$ maka a_2 bernilai negatif.

$$a_1 = -a_{11}a_{22}a_{33}a_{44} - a_{13}a_{21}a_{32}a_{44} + a_{11}a_{23}a_{32}a_{44} - a_{11}a_{22}a_{33}a_{55} - a_{13}a_{21}a_{32}a_{55} + a_{11}a_{23}a_{32}a_{55} - a_{11}a_{22}a_{44}a_{55} - a_{11}a_{33}a_{44}a_{55} - a_{22}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{23}a_{32}a_{44}a_{55}$$

a_1 dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu, φ_1 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $a_{11}, a_{22}, a_{33}, a_{44}, a_{55}, a_{13}$ bernilai negatif, dan a_{21}, a_{23}, a_{32} bernilai positif. Jika $a_{11}a_{23}a_{32}a_{44} + a_{11}a_{23}a_{32}a_{55} + a_{23}a_{32}a_{44}a_{55} < a_{11}a_{22}a_{33}a_{44} + a_{11}a_{22}a_{33}a_{55} + a_{13}a_{21}a_{32}a_{55} + a_{13}a_{21}a_{32}a_{44} + a_{11}a_{22}a_{44}a_{55} + a_{11}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{22}a_{33}a_{44}a_{55}$ atau dapat disederhanakan menjadi $(\sigma_1 - u_1 - d_1) + (\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1) < 0$ maka a_1 bernilai negatif.

$$a_0 = a_{11}a_{22}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{13}a_{21}a_{32}a_{44}a_{55} - a_{11}a_{23}a_{32}a_{44}a_{55}$$

a_0 dipengaruhi oleh parameter σ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, u_1 adalah rate pengobatan pada wilayah 1, γ_1 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_1 adalah rate kematian individu, δ_1 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, β_1 adalah rate penularan penyakit, Λ_1 adalah rate kelahiran individu, φ_1 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $a_{11}, a_{22}, a_{33}, a_{44}, a_{55}, a_{13}$ bernilai negatif, dan a_{21}, a_{23}, a_{32} bernilai positif. Jika $a_{11}a_{22}a_{33} + a_{13}a_{21}a_{32} < a_{11}a_{23}a_{32}$ sehingga diperoleh syarat bahwa $\gamma_1\beta_1\Lambda_1 > -(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)$ maka a_0 bernilai negatif. sehingga $|J - \lambda I| = a_5\lambda^5 + a_4\lambda^4 + a_3\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0$.

Dengan menggunakan cara aturan Horner maka diperoleh akar-akar persamaan karakteristiknya yaitu

$$\begin{aligned}\lambda_1 &= a_0 + a_1 + a_2 + a_3 + a_4 \\ \lambda_2 &= -4a_0 - 3a_1 - 2a_2 - a_3 \\ \lambda_3 &= 6a_0 + 3a_1 + a_2 \\ \lambda_4 &= -4a_0 - a_1 \\ \lambda_5 &= a_0\end{aligned}$$

karena nilai a_0, a_1, a_2, a_3, a_4 adalah negatif sehingga diperoleh bahwa $\lambda_1 < 0$, $\lambda_2 > 0$, $\lambda_3 < 0$, $\lambda_4 > 0$ dan $\lambda_5 < 0$ maka sistem pada wilayah 1 dipersekitaran titik kesetimbangan endemik adalah tidak stabil untuk $\gamma_1\beta_1\Lambda_1 > -(\sigma_1 - u_1 - d_1)(\sigma_1 - \gamma_1 - d_1 - \delta_1)(\sigma_1 - d_1 - \delta_1)$, yaitu saat terjadi penyebaran penyakit yang tinggi dan transisi individu *exposed* menjadi *infected* juga besar daripada tingkat pengobatan yang diberikan pada wilayah 1.

4.5.2 Analisis Kestabilan Sistem pada Wilayah 2

$$\begin{aligned}
g_1 &= \frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 + \sigma_2 S_2 - \delta_2 S_2 - d_2 S_2 - \beta_2 S_2 I_2 \\
g_2 &= \frac{dE_2}{dt} = \sigma_2 E_2 - \delta_2 E_2 - d_2 E_2 + \beta_2 S_2 I_2 - \gamma_2 E_2 \\
g_3 &= \frac{dI_2}{dt} = \gamma_2 E_2 - u_2 I_2 - d_2 I_2 + \sigma I_2 \\
g_4 &= \frac{dT_2}{dt} = u_2 I_2 - \varphi_2 T_2 - d_2 T_2 - \delta_2 T_2 + \sigma_2 T_2 \\
g_5 &= \frac{dR_2}{dt} = \varphi_2 T_2 + \sigma_2 R_2 - \delta_2 R_2 - d_2 R_2
\end{aligned} \tag{4.14}$$

Untuk titik kesetimbangan endemik maka akan diperoleh nilai Jacobi sebagai berikut

$$J_2 = \begin{bmatrix} \sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \beta_2 I_2 & 0 & -\beta_2 S_2 & 0 & 0 \\ \beta_2 I_2 & \sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \gamma_2 & \beta_2 S_2 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_2 & \sigma_2 - u_2 - d_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u_2 & \sigma_2 - \varphi_2 - d_2 - \delta_2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varphi_2 & \sigma_2 - d_2 - \delta_2 \end{bmatrix}$$

$$J_2 = \begin{bmatrix} \text{misalkan} \\ b_{11} & b_{12} & b_{13} & b_{14} & b_{15} \\ b_{21} & b_{22} & b_{23} & b_{24} & b_{25} \\ b_{31} & b_{32} & b_{33} & b_{34} & b_{35} \\ b_{41} & b_{42} & b_{43} & b_{44} & b_{45} \\ b_{51} & b_{52} & b_{53} & b_{54} & b_{55} \end{bmatrix}_{x_2^*} = \begin{bmatrix} b_{11} & 0 & b_{13} & 0 & 0 \\ b_{21} & b_{22} & b_{23} & 0 & 0 \\ 0 & b_{32} & b_{33} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & b_{43} & b_{44} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & b_{54} & b_{55} \end{bmatrix}_{x_2^*}$$

dengan

$$\begin{aligned}
b_{11} &= \sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \beta_2 I_2 \\
&= \sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \beta_2 \left(\frac{\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 + (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)}{\beta_2(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)} \right) \\
&= -\frac{\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2}{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}
\end{aligned}$$

b_{11} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran

individu. Jika σ_2 kurang dari u_2 dan d_2 , σ_2 kurang dari γ_2 , δ_2 dan d_2 sehingga b_{11} bernilai negatif.

$$\begin{aligned} b_{13} &= -\beta_2 S_2 \\ &= -\beta_2 \frac{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}{\gamma_2 \beta_2} = \frac{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}{-\gamma_2} \end{aligned}$$

b_{13} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1. Jika σ_2 kurang dari u_2 dan d_2 , σ_2 kurang dari γ_2 , δ_2 dan d_2 sehingga b_{13} bernilai negatif.

$$\begin{aligned} b_{21} &= \beta_2 I_2 \\ &= \beta_2 \left(\frac{\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 + (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)}{\beta_2 (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)} \right) \\ &= \frac{\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 + (\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)}{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)} \end{aligned}$$

b_{21} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran individu. Jika σ_2 kurang dari u_2 dan d_2 , σ_2 kurang dari γ_2 , δ_2 dan d_2 , σ_2 kurang dari δ_2 dan d_2 sehingga b_{21} bernilai positif, untuk $\gamma_2 \beta_2 \Lambda_2 > -(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)$.

$$b_{22} = \sigma_2 - \delta_2 - d_2 - \gamma_2$$

b_{22} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1. Jika σ_2 kurang dari γ_2 , δ_2 dan d_2 sehingga b_{22} bernilai negatif.

$$\begin{aligned} b_{23} &= \beta_2 S_2 \\ &= \beta_2 \frac{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}{\gamma_2 \beta_2} = \frac{(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)}{\gamma_2} \end{aligned}$$

b_{23} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1. Jika σ_2 kurang dari u_2 dan d_2 , σ_2 kurang dari γ_2 , δ_2 dan d_2 sehingga b_{23} bernilai positif.

$$b_{32} = \gamma_2$$

b_{32} dipengaruhi oleh parameter γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, sehingga b_{32} bernilai positif.

$$b_{33} = \sigma_2 - u_2 - d_2$$

b_{33} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, d_2 adalah rate kematian individu. Jika σ_2 kurang dari u_2 dan d_2 , sehingga b_{33} bernilai negatif.

$$b_{43} = u_2$$

b_{43} dipengaruhi oleh parameter u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, sehingga b_{43} bernilai positif.

$$b_{44} = \sigma_2 - \varphi_2 - d_2 - \delta_2$$

b_{44} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, φ_2 adalah rate individu yang sembuh dari penyakit pada wilayah 2, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1. Jika σ_2 kurang dari φ_2 dan d_2 dan δ_2 , sehingga b_{44} bernilai negatif.

$$b_{54} = \varphi_2$$

b_{54} dipengaruhi oleh parameter φ_2 adalah rate individu yang sembuh dari penyakit pada wilayah 2, sehingga b_{54} bernilai positif.

$$b_{55} = \sigma_2 - d_2 - \delta_2$$

b_{55} dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1. Jika σ_2 kurang dari d_2 dan δ_2 , sehingga b_{55} bernilai negatif.

$$|J_2 - \lambda I| = 0$$

sehingga dapat diperoleh

$$\begin{aligned} |J_2 - \lambda I| &= \begin{vmatrix} b_{11} - \lambda & 0 & b_{13} & 0 & 0 \\ b_{21} & b_{22} - \lambda & b_{23} & 0 & 0 \\ 0 & b_{32} & b_{33} - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & b_{43} & b_{44} - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & b_{54} & b_{55} - \lambda \end{vmatrix} \\ &= (b_{11} - \lambda)(b_{22} - \lambda)(b_{33} - \lambda)(b_{44} - \lambda)(b_{55} - \lambda) \\ &\quad - b_{23}b_{32}(b_{11} - \lambda)(b_{44} - \lambda)(b_{55} - \lambda) \\ &\quad + b_{13}b_{21}b_{32}(b_{44} - \lambda)(b_{55} - \lambda) \end{aligned}$$

dengan

$$\begin{aligned}
b_5 &= -1 \\
b_4 &= b_{11} + b_{22} + b_{33} + b_{44} + b_{55} \\
b_3 &= -b_{11}b_{22} - b_{11}b_{33} - b_{22}b_{33} + b_{23}b_{32} - b_{11}b_{44} - b_{22}b_{44} - b_{33}b_{44} - b_{11}b_{55} \\
&\quad - b_{22}b_{55} - b_{33}b_{55} - b_{44}b_{55} \\
b_2 &= b_{11}b_{22}b_{33} + b_{13}b_{21}b_{32} - b_{11}b_{23}b_{32} + b_{11}b_{22}b_{44} + b_{11}b_{33}b_{44} + b_{22}b_{33}b_{44} \\
&\quad - b_{23}b_{32}b_{44} + b_{11}b_{22}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{55} + b_{22}b_{33}b_{55} - b_{23}b_{32}b_{55} \\
&\quad + b_{11}b_{44}b_{55} + b_{22}b_{44}b_{55} + b_{33}b_{44}b_{55} \\
b_1 &= -b_{11}b_{22}b_{33}b_{44} - b_{13}b_{21}b_{32}b_{44} + b_{11}b_{23}b_{32}b_{44} - b_{11}b_{22}b_{33}b_{55} \\
&\quad - b_{13}b_{21}b_{32}b_{55} + b_{11}b_{23}b_{32}b_{55} - b_{11}b_{22}b_{44}b_{55} - b_{11}b_{33}b_{44}b_{55} \\
&\quad - b_{22}b_{33}b_{44}b_{55} + b_{23}b_{32}b_{44}b_{55} \\
b_0 &= b_{11}b_{22}b_{33}b_{44}b_{55} + b_{13}b_{21}b_{32}b_{44}b_{55} - b_{11}b_{23}b_{32}b_{44}b_{55}
\end{aligned}$$

dengan penjelasan sebagai berikut

$$b_4 = b_{11} + b_{22} + b_{33} + b_{44} + b_{55}$$

b_4 dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran individu, φ_2 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $b_{11}, b_{22}, b_{33}, b_{44}, b_{55}$ bernilai negatif, maka b_4 bernilai negatif.

$$\begin{aligned}
b_3 &= -b_{11}b_{22} - b_{11}b_{33} - b_{22}b_{33} + b_{23}b_{32} - b_{11}b_{44} - b_{22}b_{44} - b_{33}b_{44} - b_{11}b_{55} \\
&\quad - b_{22}b_{55} - b_{33}b_{55} - b_{44}b_{55}
\end{aligned}$$

b_3 dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran individu, φ_2 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $b_{11}, b_{22}, b_{33}, b_{44}, b_{55}$ bernilai negatif, dan b_{23}, b_{32} bernilai positif, jika $b_{23}b_{32} < b_{11}b_{22} + b_{11}b_{33} + b_{22}b_{55} + b_{11}b_{44} + b_{22}b_{44} + b_{33}b_{44} + b_{11}b_{55} + b_{22}b_{55} + b_{33}b_{55} + b_{44}b_{55}$ maka b_3 bernilai negatif.

$$\begin{aligned}
b_2 &= b_{11}b_{22}b_{33} + b_{13}b_{21}b_{32} - b_{11}b_{23}b_{32} + b_{11}b_{22}b_{44} + b_{11}b_{33}b_{44} + b_{22}b_{33}b_{44} \\
&\quad - b_{23}b_{32}b_{44} + b_{11}b_{22}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{55} + b_{22}b_{33}b_{55} - b_{23}b_{32}b_{55} \\
&\quad + b_{11}b_{44}b_{55} + b_{22}b_{44}b_{55} + b_{33}b_{44}b_{55}
\end{aligned}$$

b_2 dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2,

γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran individu, φ_2 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $b_{11}, b_{22}, b_{33}, b_{44}, b_{55}, b_{13}$ bernilai negatif, dan b_{21}, b_{23}, b_{32} bernilai positif. Jika $b_{11}b_{22}b_{33} + b_{13}b_{21}b_{32} + b_{11}b_{22}b_{44} + b_{11}b_{33}b_{44} + b_{22}b_{33}b_{44} + b_{11}b_{22}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{55} + b_{22}b_{33}b_{55} + b_{11}b_{44}b_{55} + b_{22}b_{44}b_{55} + b_{33}b_{44}b_{55} < b_{11}b_{23}b_{32} + b_{23}b_{32}b_{44} + b_{23}b_{32}b_{55}$ maka b_2 bernilai negatif.

$$b_1 = -b_{11}b_{22}b_{33}b_{44} - b_{13}b_{21}b_{32}b_{44} + b_{11}b_{23}b_{32}b_{44} - b_{11}b_{22}b_{33}b_{55} - b_{13}b_{21}b_{32}b_{55} + b_{11}b_{23}b_{32}b_{55} - b_{11}b_{22}b_{44}b_{55} - b_{11}b_{33}b_{44}b_{55} - b_{22}b_{33}b_{44}b_{55} + b_{23}b_{32}b_{44}b_{55}$$

b_1 dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran individu, φ_2 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $b_{11}, b_{22}, b_{33}, b_{44}, b_{55}, b_{13}$ bernilai negatif, dan b_{21}, b_{23}, b_{32} bernilai positif. Jika $b_{11}b_{23}b_{32}b_{44} + b_{11}b_{23}b_{32}b_{55} + b_{23}b_{32}b_{44}b_{55} < b_{11}b_{22}b_{33}b_{44} + b_{11}b_{22}b_{33}b_{55} + b_{13}b_{21}b_{32}b_{55} + b_{13}b_{21}b_{32}b_{44} + b_{11}b_{22}b_{44}b_{55} + b_{11}b_{33}b_{44}b_{55} + b_{22}b_{33}b_{44}b_{55}$ atau dapat disederhanakan menjadi $(\sigma_2 - u_2 - d_2) + (\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2) < 0$ maka b_1 bernilai negatif.

$$b_0 = b_{11}b_{22}b_{33}b_{44}b_{55} + b_{13}b_{21}b_{32}b_{44}b_{55} - b_{11}b_{23}b_{32}b_{44}b_{55}$$

b_0 dipengaruhi oleh parameter σ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2, u_2 adalah rate pengobatan pada wilayah 2, γ_2 adalah rate perubahan individu dari *exposed* menjadi *infected*, d_2 adalah rate kematian individu, δ_2 adalah rate perpindahan individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1, β_2 adalah rate penularan penyakit, Λ_2 adalah rate kelahiran individu, φ_2 adalah rate kesembuhan individu dari penyakit. Karena $b_{11}, b_{22}, b_{33}, b_{44}, b_{55}, b_{13}$ bernilai negatif, dan b_{21}, b_{23}, b_{32} bernilai positif. Jika $b_{11}b_{22}b_{33} + b_{13}b_{21}b_{32} < b_{11}b_{23}b_{32}$ sehingga diperoleh syarat bahwa $\gamma_2\beta_2\Lambda_2 > -(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)$ maka b_0 bernilai negatif.

sehingga $|J_2 - \lambda I| = b_5\lambda^5 + b_4\lambda^4 + b_3\lambda^3 + b_2\lambda^2 + b_1\lambda + b_0$

Dengan menggunakan cara aturan Horner maka diperoleh akar-akar persamaan karakteristiknya yaitu

$$\lambda_1 = b_0 + b_1 + b_2 + b_3 + b_4$$

$$\lambda_2 = -4b_0 - 3b_1 - 2b_2 - b_3$$

$$\lambda_3 = 6b_0 + 3b_1 + b_2$$

$$\lambda_4 = -4b_0 - b_1$$

$$\lambda_5 = b_0$$

Karena nilai b_0, b_1, b_2, b_3, b_4 adalah negatif sehingga diperoleh bahwa $\lambda_1 < 0$, $\lambda_2 > 0$, $\lambda_3 < 0$, $\lambda_4 > 0$ dan $\lambda_5 < 0$ maka sistem dipersekitaran titik

kesetimbangan endemik pada wilayah 2 adalah tidak stabil, dengan $\gamma_2\beta_2\Lambda_2 > -(\sigma_2 - u_2 - d_2)(\sigma_2 - \gamma_2 - d_2 - \delta_2)(\sigma_2 - d_2 - \delta_2)$, yaitu saat terjadi penyebaran penyakit yang tinggi dan transisi individu *exposed* menjadi *infected* juga besar daripada tingkat pengobatan yang diberikan pada wilayah 2.

4.6 Optimasi *Domain of Attraction*

Analisis *Domain of Attraction* dilakukan untuk menentukan daerah penyebaran pada wilayah yang diteliti, dan pada bagian ini dilakukan optimasi *Domain of Attraction* untuk mengetahui letak pusat penyebaran penyakit yang terjadi pada kedua wilayah. Sebelum melakukan optimasi *Domain of Attraction* dilakukan konstruksi fungsi Lyapunov terlebih dahulu untuk mengetahui kestabilan pada kedua wilayah sehingga dapat mengetahui parameter pada masing-masing wilayah yang berpengaruh besar pada penyebaran penyakit, dan dilakukan transformasi pada model awal dengan transformasi sebagai berikut

$$\begin{aligned}v &= S - p_1 \Rightarrow S = v + p_1 \\w &= E - p_2 \Rightarrow E = w + p_2 \\x &= I - p_3 \Rightarrow I = x + p_3 \\y &= T - p_4 \Rightarrow T = y + p_4 \\z &= R - P_5 \Rightarrow R = z + p_5\end{aligned}$$

dari permisalan diatas disubstitusikan ke dalam model awal, sehingga diperoleh persamaan sebagai berikut

$$\begin{aligned}\frac{d(v + p_1)}{dt} &= \Lambda + \sigma(v + p_1) - \delta(v + p_1) - d(v + p_1) - \beta(v + p_1)(x + p_3) \\ \frac{d(w + p_2)}{dt} &= \sigma(w + p_2) - \delta(w + p_2) - d(w + p_2) + \beta(v + p_1)(x + p_3) - \gamma(w + p_2) \\ \frac{d(x + p_3)}{dt} &= \gamma(w + p_2) - u_1(x + p_3) - d(x + p_3) + \sigma(x + p_3) \\ \frac{d(y + p_4)}{dt} &= u(x + p_3) - \varphi(y + p_4) - d(y + p_4) - \delta(y + p_4) + \sigma(y + p_4) \\ \frac{d(z + p_5)}{dt} &= \varphi(y + p_4) + \sigma(z + p_5) - \delta(z + p_5) - d(z + p_5)\end{aligned}\tag{4.15}$$

hasil penyederhanaan dari Persamaan 4.15 sebagai berikut

$$\begin{aligned}\frac{dv}{dt} &= (\sigma - \delta - d - \beta p_3)v - \beta p_3 x \\ \frac{dw}{dt} &= (\sigma - \delta - d - \gamma)w + \beta p_3 v + \beta_1 p_1 x \\ \frac{dx}{dt} &= \gamma w + (\sigma - u - d)x \\ \frac{dy}{dt} &= ux + (\sigma - \delta - d - \varphi)y \\ \frac{dz}{dt} &= \varphi y + (\sigma_1 - \delta - d)z\end{aligned}\tag{4.16}$$

Matriks Jacobian dari sistem diatas yaitu:

$$J(x) = \begin{bmatrix} \sigma - \delta - d - \beta p_3 & 0 & -\beta p_3 & 0 & 0 \\ \beta p_3 & \sigma - \delta - d - \gamma & \beta p_1 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & \sigma - d - u & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u & \sigma - \delta - d - \varphi & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varphi & \sigma - \delta - d \end{bmatrix}$$

dengan Matriks Jacobian tersebut dapat diperoleh Matriks F sebagai berikut

$$\begin{aligned} F &= J + J^T \\ &= \begin{bmatrix} \sigma - \delta - d - \beta p_3 & 0 & -\beta p_3 & 0 & 0 \\ \beta p_3 & \sigma - \delta - d - \gamma & \beta p_1 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & \sigma - d - u & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u & \sigma - \delta - d - \varphi & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varphi & \sigma - \delta - d \end{bmatrix} \\ &+ \begin{bmatrix} \sigma - \delta - d - \beta p_3 & \beta p_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma - \delta - d - \gamma & \gamma & 0 & 0 \\ -\beta p_3 & \beta p_1 & \sigma - d - u & u & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma - \delta - d - \varphi & \varphi \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma - \delta - d \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} 2(\sigma - \delta - d - \beta p_3) & \beta p_3 & -\beta p_3 & 0 & 0 \\ \beta p_3 & 2(\sigma - \delta - d - \gamma) & \gamma + \beta p_1 & 0 & 0 \\ -\beta p_3 & \gamma + \beta p_1 & 2(\sigma - d - u) & u & 0 \\ 0 & 0 & u & 2(\sigma - \delta - d - \varphi) & \varphi \\ 0 & 0 & 0 & \varphi & 2(\sigma - \delta - d) \end{bmatrix} \\ &\text{misalkan} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} a_{11} &= 2(\sigma - \delta - d - \beta p_3) \\ a_{12} &= \beta p_3 \\ a_{13} &= -\beta p_3 \\ a_{21} &= \beta p_3 \\ a_{22} &= 2(\sigma - \delta - d - \gamma) \\ a_{23} &= \gamma + \beta p_1 \\ a_{31} &= -\beta p_3 \\ a_{32} &= \gamma + \beta p_1 \\ a_{33} &= 2(\sigma - d - u) \\ a_{34} &= u \\ a_{43} &= u \\ a_{44} &= 2(\sigma - \delta - d - \varphi) \\ a_{45} &= \varphi \\ a_{54} &= \varphi \\ a_{55} &= 2(\sigma - \delta - d) \end{aligned}$$

selanjutnya diselidiki Matriks F melalui determinan Matriks F .

$$\det(F) = a_{11}a_{22}a_{32}a_{44}a_{55} - a_{11}a_{22}a_{33}a_{54}a_{45} - a_{11}a_{22}a_{34}a_{43}a_{55} - a_{11}a_{23}a_{32}a_{44}a_{55}$$

$$\begin{aligned}
& +a_{11}a_{23}a_{32}a_{54}a_{45} - a_{12}a_{21}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{12}a_{21}a_{33}a_{54}a_{45} + a_{12}a_{21}a_{34}a_{43}a_{55} \\
& +a_{12}a_{23}a_{31}a_{44}a_{55} - a_{12}a_{23}a_{31}a_{54}a_{45} + a_{13}a_{21}a_{32}a_{44}a_{55} - a_{13}a_{21}a_{32}a_{54}a_{45} \\
& -a_{13}a_{22}a_{13}a_{44}a_{55} + a_{13}a_{22}a_{31}a_{45}a_{54}
\end{aligned}$$

diperoleh $\det(F) > 0$ jika diberikan

$$\begin{aligned}
& (a_{11}a_{22}a_{32}a_{44}a_{55} + a_{11}a_{23}a_{32}a_{54}a_{45} + a_{12}a_{21}a_{33}a_{54}a_{45} + a_{12}a_{21}a_{34}a_{43}a_{55} + a_{12}a_{23}a_{31}a_{44}a_{55} \\
& +a_{13}a_{21}a_{32}a_{44}a_{55} + a_{13}a_{22}a_{31}a_{45}a_{54}) > (a_{11}a_{22}a_{33}a_{54}a_{45} + a_{11}a_{22}a_{34}a_{43}a_{55} + a_{11}a_{23}a_{32}a_{44}a_{55} \\
& +a_{12}a_{21}a_{33}a_{44}a_{55} + a_{12}a_{23}a_{31}a_{54}a_{45} + a_{13}a_{21}a_{32}a_{54}a_{45} + a_{13}a_{22}a_{13}a_{44}a_{55})
\end{aligned}$$

Sehingga $(-1)\det(F) < 0$ maka titik kesetimbangannya adalah stabil asimtotik lokal. Sedangkan fungsi Lyapunov dapat dikonstruksi sebagai berikut:

$$V(x) = f^T(x)f(x)$$

$$\text{dimana } f(x) = \begin{bmatrix} \dot{x}_1 \\ \dot{x}_2 \\ \dot{x}_3 \\ \dot{x}_4 \\ \dot{x}_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \dot{v} \\ \dot{w} \\ \dot{x} \\ \dot{y} \\ \dot{z} \end{bmatrix}$$

sehingga diperoleh

$$V(x) = \begin{bmatrix} \dot{v} & \dot{w} & \dot{x} & \dot{y} & \dot{z} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \dot{v} \\ \dot{w} \\ \dot{x} \\ \dot{y} \\ \dot{z} \end{bmatrix} = \dot{v}^2 + \dot{w}^2 + \dot{x}^2 + \dot{y}^2 + \dot{z}^2$$

fungsi Lyapunov didapatkan sebagai berikut

$V(x) = a_1v^2 + a_2w^2 + a_3x^2 + a_4y^2 + a_5z^2 + a_6vx + a_7vw + a_8wx + a_9xy + a_{10}yz$
dengan

$$\begin{aligned}
a_1 &= (\sigma - \delta - d - \beta p_3)^2 + (\beta p_3)^2 \\
a_2 &= (\sigma - \delta - d - \gamma)^2 + \gamma^2 \\
a_3 &= 2(\beta_1 p_1)^2 + (\sigma - u - d)^2 + u^2 \\
a_4 &= (\sigma - \delta - d - \varphi)^2 + \varphi^2 \\
a_5 &= (\sigma_1 - \delta - d)^2 \\
a_6 &= -2(\sigma - \delta - d - \beta p_3)(\beta_1 p_1) + (\beta p_3)(\beta_1 p_1) \\
a_7 &= (\sigma - \delta - d - \gamma)(\beta p_3) \\
a_8 &= (\sigma - \delta - d - \gamma)(\beta p_1) + \gamma(\sigma - u - d) \\
a_9 &= 2u(\sigma - \delta - d - \varphi) \\
a_{10} &= 2\varphi(\sigma_1 - \delta - d)
\end{aligned}$$

4.7 Optimasi *Sum of Square*

Fungsi Lyapunov yang telah didapatkan kemudian dilakukan optimasi untuk mendapatkan koefisien yang optimal pada kondisi stabil, berdasarkan pada bagian sebelumnya didapatkan Fungsi Lyapunov sebagai berikut

$V(x) = a_1v^2 + a_2w^2 + a_3x^2 + a_4y^2 + a_5z^2 + a_6vx + a_7vw + a_8wx + a_9xy + a_{10}yz$ sehingga dapat diperoleh pertidaksamaan

$$V(x) - (a_1v^2 + a_2w^2 + a_3x^2 + a_4y^2 + a_5z^2 + a_6vx + a_7vw + a_8wx + a_9xy + a_{10}yz) \leq 0$$

dari Fungsi Lyapunov diatas diperoleh turunan pertama pada fungsi sebagai berikut

$$\begin{aligned} \dot{V}(x) &= 2v\dot{v} + 2w\dot{w} + 2x\dot{x} + 2y\dot{y} + 2z\dot{z} + (\dot{v}x + v\dot{x}) + (\dot{v}w + v\dot{w}) + (\dot{w}x + w\dot{x}) + \\ &\quad (\dot{x}y + x\dot{y}) + (\dot{y}z + y\dot{z}) \\ &= (2v + x + w)\dot{v} + (2w + v + x)\dot{w} + (2x + v + w)\dot{x} + (2y + x + z)\dot{y} + \\ &\quad (2z + y)\dot{z} \\ &= \frac{\partial V}{\partial v}\dot{v} + \frac{\partial V}{\partial w}\dot{w} + \frac{\partial V}{\partial x}\dot{x} + \frac{\partial V}{\partial y}\dot{y} + \frac{\partial V}{\partial z}\dot{z} \end{aligned}$$

sehingga dapat ditulis menjadi pertidaksamaan dibawah ini

$$-\left(\frac{\partial V}{\partial v}\dot{v} + \frac{\partial V}{\partial w}\dot{w} + \frac{\partial V}{\partial x}\dot{x} + \frac{\partial V}{\partial y}\dot{y} + \frac{\partial V}{\partial z}\dot{z} \right) \leq 0$$

kemudian dari hasil persamaan fungsi Lyapunov diatas dicari koefisien yang optimal menggunakan SOSTOOLS Optimization dan diperoleh hasil fungsi Lyapunov yang optimal sebagai berikut

$$\begin{aligned} V(x) &= 0.2056v^2 + 0.2452w^2 + 0.1389x^2 + 0.4164y^2 + 0.1743z^2 + 0.311vx + 0.1582vw \\ &\quad + 0.05472wx - 0.1547xy - 0.1911yz \end{aligned}$$

sehingga diperoleh persamaan sebagai berikut

$$\begin{aligned} 0.2056 &= (\sigma - \delta - d - \beta p_3)^2 + (\beta p_3)^2 \\ 0.2452 &= (\sigma - \delta - d - \gamma)^2 + \gamma^2 \\ 0.1389 &= 2(\beta p_1)^2 + (\sigma - u - d)^2 + u^2 \\ 0.4164 &= (\sigma - \delta - d - \varphi)^2 + \varphi^2 \\ 0.1743 &= (\sigma - \delta - d)^2 \\ 0.311 &= -2(\sigma - \delta - d - \beta p_3)(\beta p_1) + (\beta p_3)(\beta p_1) \\ 0.1582 &= (\sigma - \delta - d - \gamma)(\beta p_3) \\ 0.05472 &= (\sigma - \delta - d - \gamma)(\beta p_1) + \gamma(\sigma - u - d) \\ -0.1547 &= 2u(\sigma - \delta - d - \varphi) \\ -0.1911 &= 2\varphi(\sigma - \delta - d) \end{aligned}$$

hasil optimasi *domain of attraction* dapat diperoleh dengan $f(0) = 0$, *domain of attraction* (DOA) dari $x = 0$ adalah

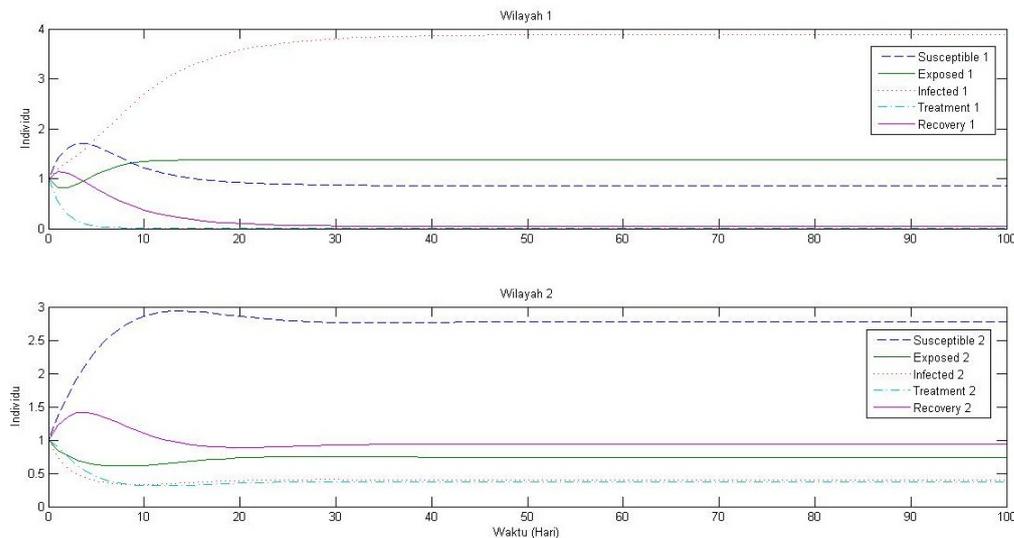
$$S_d = \{S^*, E^*, I^*, T^*, R^* \in \mathbb{R}^n \mid \lim_{t \rightarrow \infty} x(t, x^*) = 0\},$$

dengan S^*, E^*, I^*, T^*, R^* adalah titik kesetimbangan pada sistem, dengan hasil optimasi parameter yang telah diperoleh pada perhitungan SOSTOOLS, dan

nilai $p_1 = S^*$ dan $p_3 = I^*$. Pada hasil optimasi diperoleh domain yang berada pada persekitaran titik kesetimbangan endemik, dan pada analisis kestabilan menunjukkan bahwa sistem tidak stabil dengan rate transmisi penyakit lebih tinggi daripada rate pengobatan, dan hal itu disebabkan karena adanya rate transmisi yang terjadi pada masing-masing wilayah. Oleh karena itu sumber penyebaran penyakit dapat diketahui dengan melihat proporsi penyebaran penyakit pada masing-masing wilayah, wilayah yang mempunyai rate penyebaran penyakit lebih tinggi dibandingkan wilayah lainnya menjadi lebih berpengaruh terhadap penyebaran penyakit.

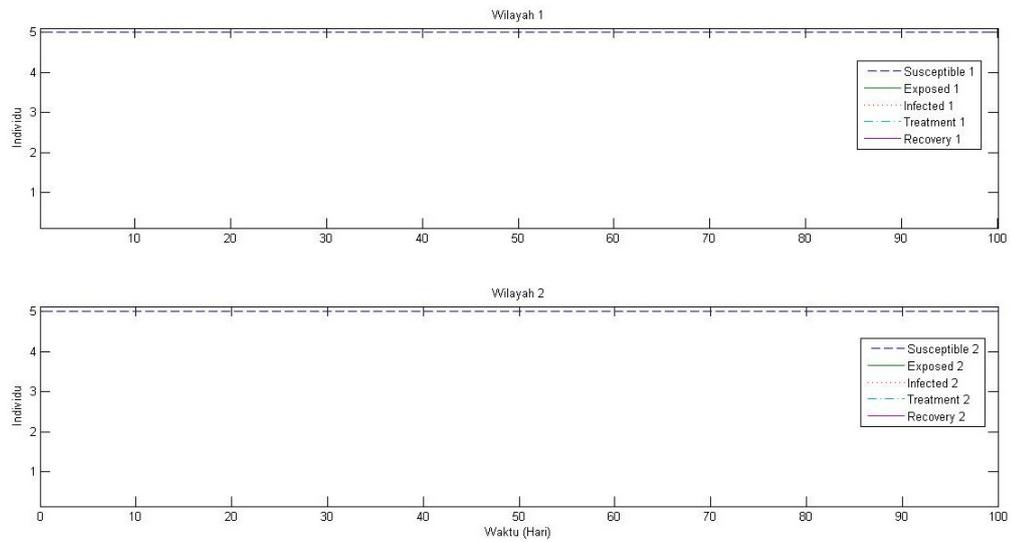
4.8 Simulasi Numerik

Pada bagian simulasi numerik dilakukan untuk mengetahui kondisi penyebaran penyakit yang terjadi pada wilayah 1 dan wilayah 2. Dengan menggunakan nilai parameter yang merujuk pada (Liu dan Zhou, 2009) dengan $\Lambda_1, \Lambda_2 = 1$, $d_1, d_2 = 0.2$, $\beta_1 = 0.25, \beta_2 = 0.4, \gamma_1, \gamma_2 = 0.4$, $u_1 = 0.03, u_2 = 0.6$ dan dengan rate perpindahan pada lintasan pertama 0.01, pada lintasan kedua sebesar 0.02 dan lintasan ketiga sebesar 0.03, dengan pengamatan selama 100 hari, serta nilai awal pada masing-masing populasi pada kedua wilayah adalah 1, sehingga diperoleh hasil simulasi sebagai berikut



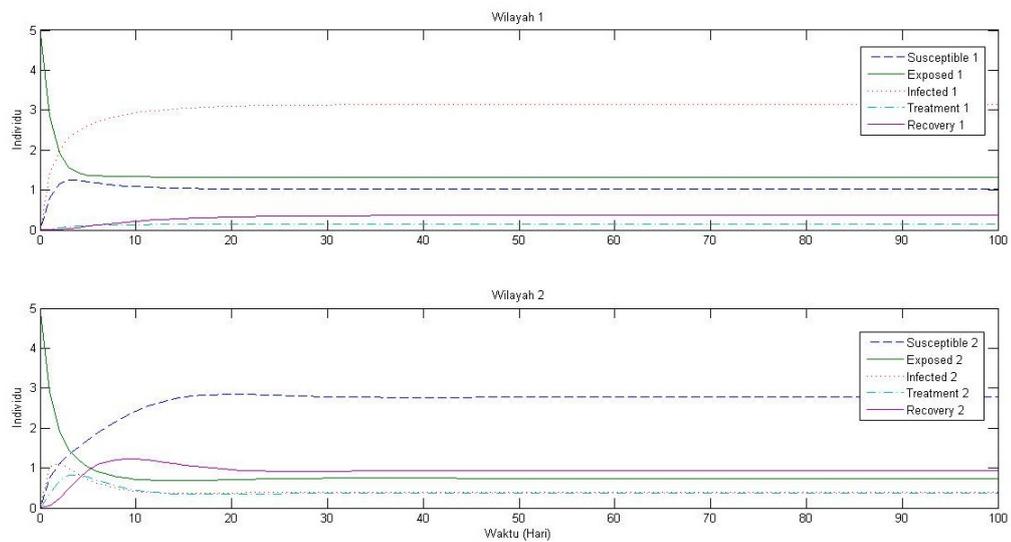
Gambar 4.3: Simulasi pada kedua wilayah

Pada simulasi diatas diperoleh nilai *susceptible* pada wilayah 1 sebesar 0.85, *exposed* pada wilayah 1 sebesar 1.38, *infected* pada wilayah 1 sebesar 3.88, *treatment* pada wilayah 1 sebesar 0.18, dan *recovery* pada wilayah 1 sebesar 0.05, sedangkan masing-masing populasi pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, dan 0.93. Dengan rate pengobatan yang lebih kecil dibanding rate transmisi sehingga menyebabkan jumlah individu *infected* pada wilayah 1 meningkat.



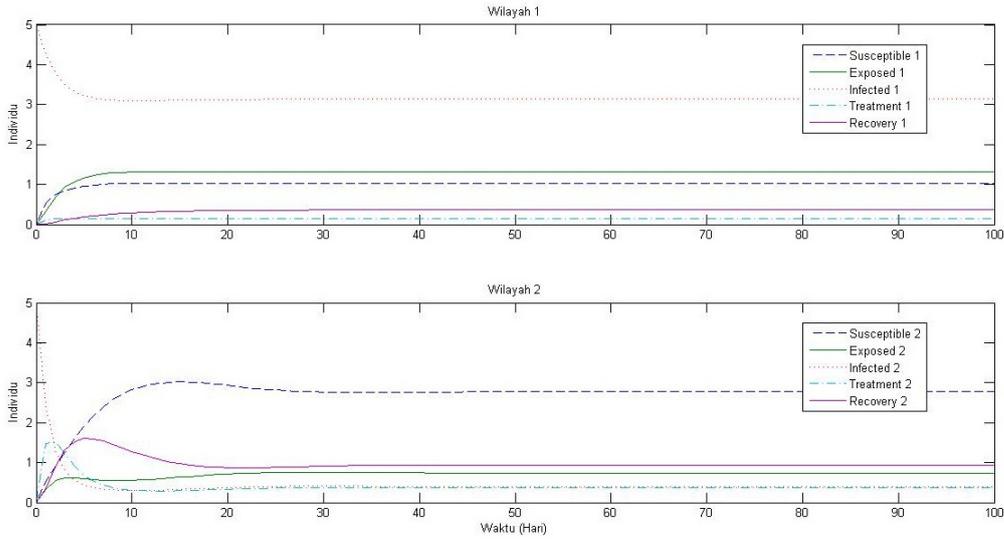
Gambar 4.4: Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 5 0 0 0 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 5, 0, 0, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 0, 0 dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 0, 0.



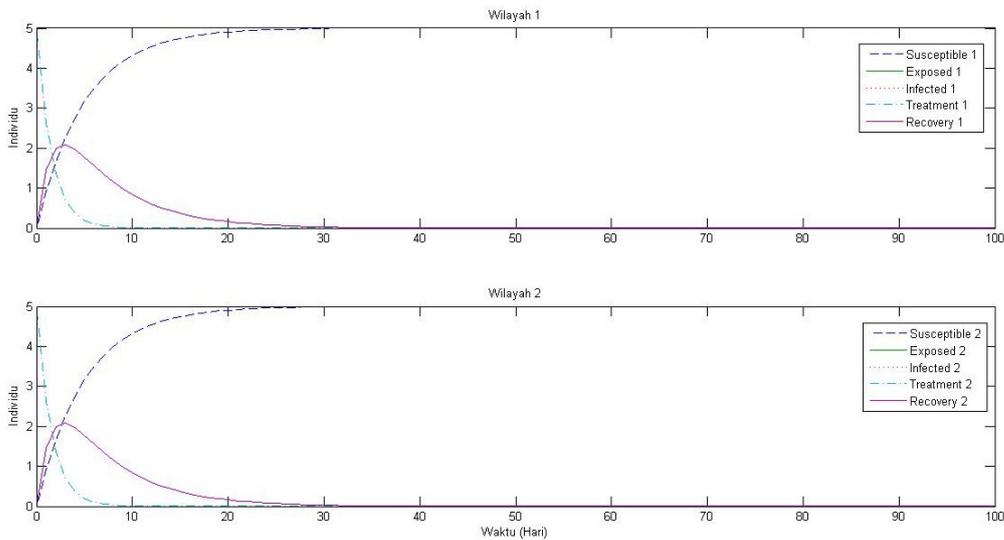
Gambar 4.5: Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 5 0 0 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 5, 0, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 1.01, 1.32, 3.13, 0.14, 0.36 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.



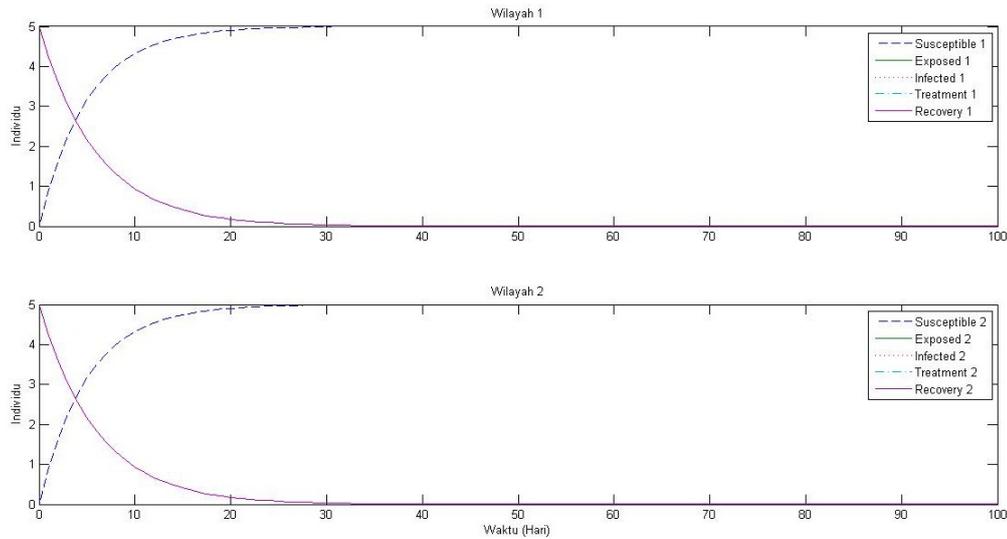
Gambar 4.6: Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 0 5 0 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 5, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 1.01, 1.32, 3.13, 0.14, 0.36 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.



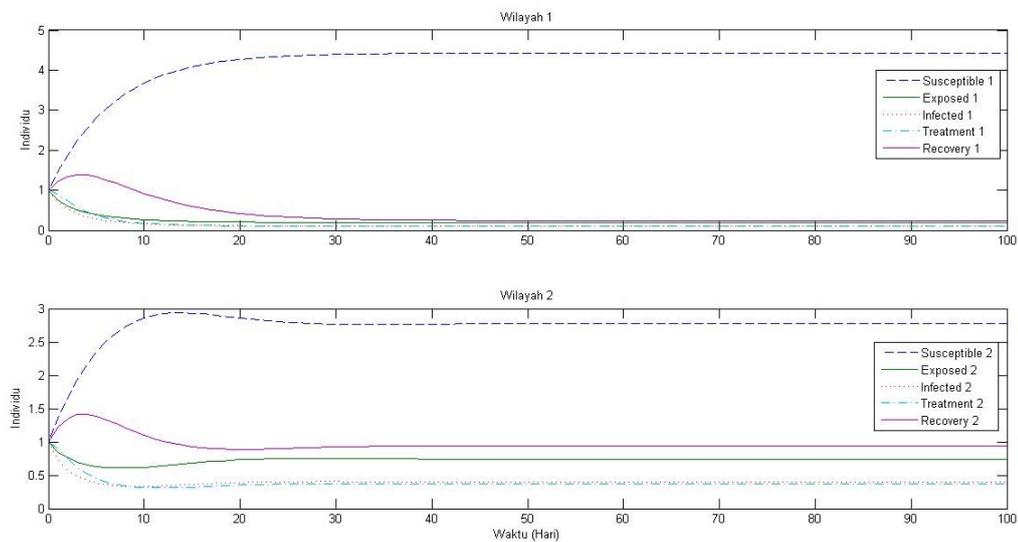
Gambar 4.7: Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 0 0 5 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 0, 5, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 3.18×10^{-28} , 2.45×10^{-07} dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 3.48×10^{-28} , 2.45×10^{-07} .



Gambar 4.8: Simulasi pada kedua wilayah dengan nilai awal 0 0 0 0 5

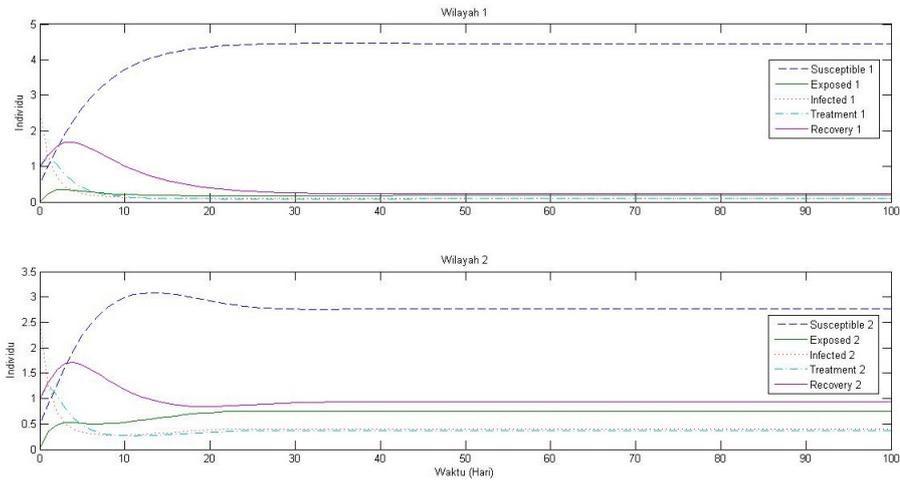
Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 0, 0, 5 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 0, 2.72×10^{-07} dan pada wilayah 2 sebesar 0, 0, 0, 0, 2.72×10^{-07} .



Gambar 4.9: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 1, 1, 1, 1, 1

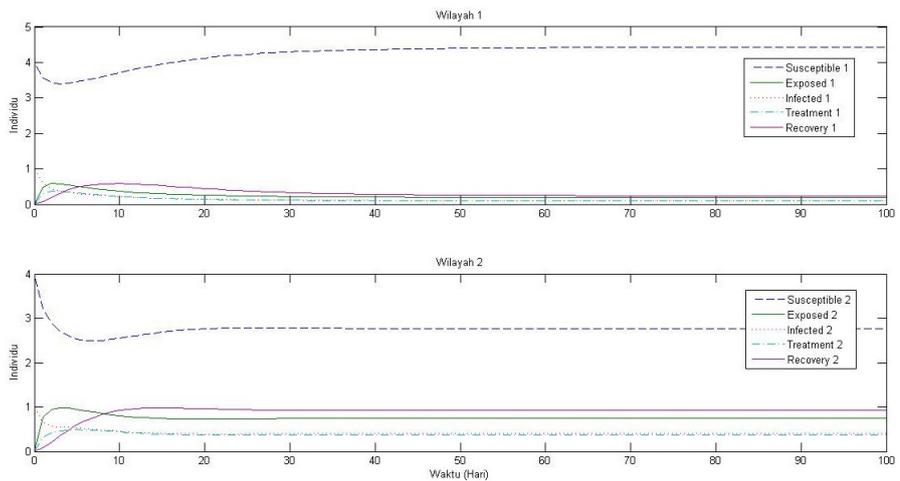
Pada simulasi kedua diberikan besar rate transmisi pada wilayah 1 yaitu 0.25 dan wilayah 2 sebesar 0.4, serta dengan rate pengobatan pada kedua wilayah sebesar 0.6, sehingga diperoleh nilai populasi pada wilayah 1 masing-masing diperoleh sebesar 4.43, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.

Pada simulasi ini dapat diketahui bahwa semakin besar rate transmisi penyakit yang terjadi maka semakin besar pula penurunan yang terjadi pada populasi *susceptible* yang menyebabkan meningkatnya jumlah individu *exposed*, *infected*, *treatment* dan *recovery*.



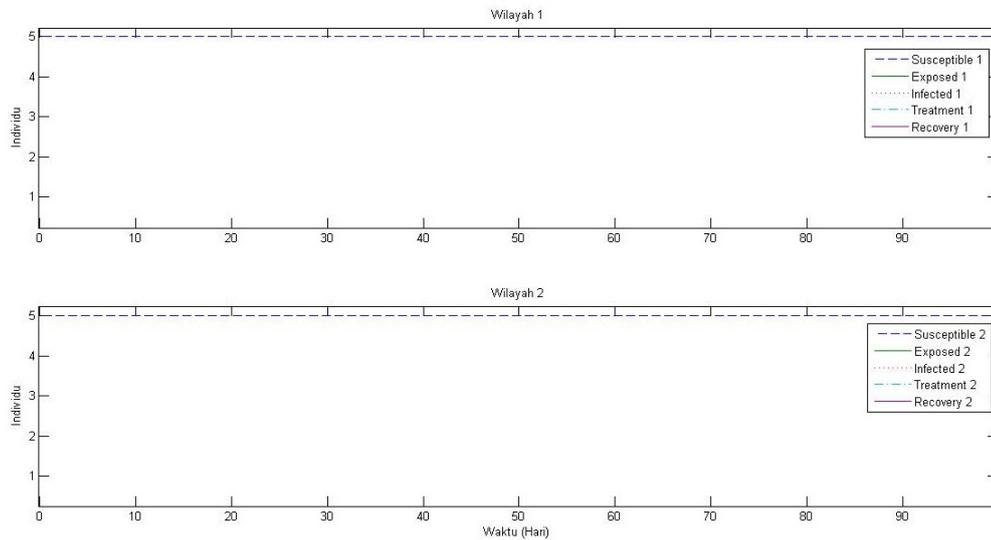
Gambar 4.10: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0.5, 0, 2.5, 1, 1

Simulasi diatas menggunakan perbedaan nilai awal yaitu pada wilayah masing-masing 0.5, 0, 2.5, 1, 1, dan besar parameter yang sama seperti pada simulasi sebelumnya. Masing-masing populasi diperoleh sebesar 4.43, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.



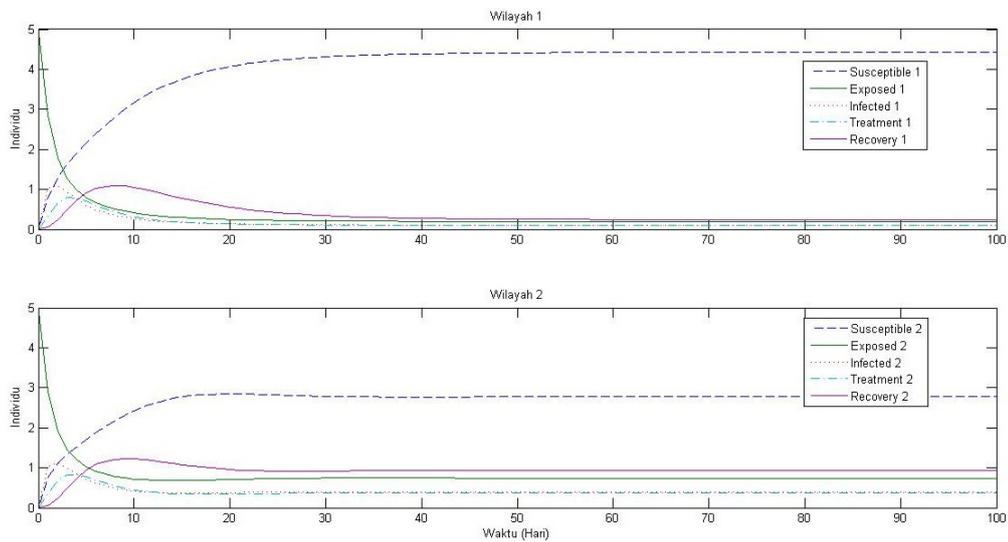
Gambar 4.11: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 4, 0, 1, 0, 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 4, 0, 1, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 4.43, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.



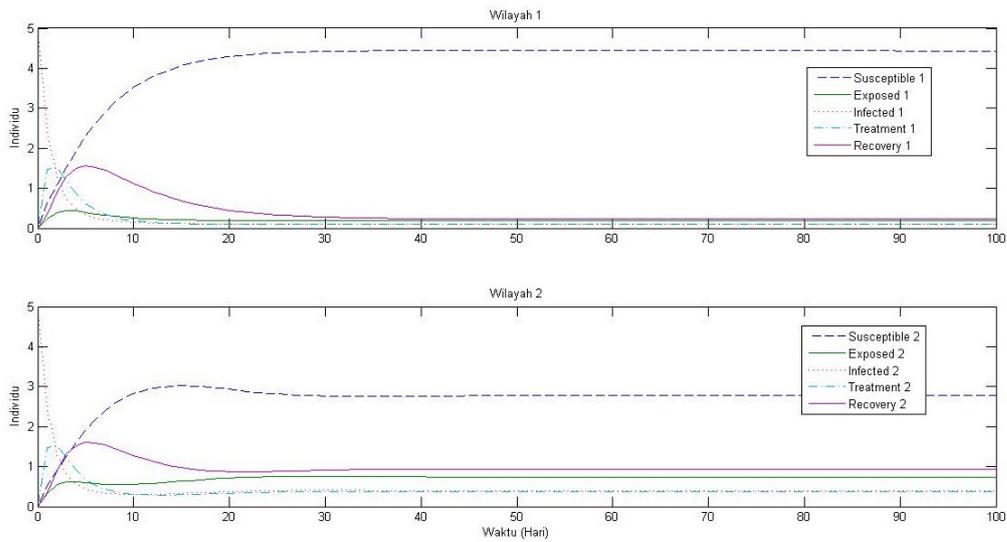
Gambar 4.12: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 5, 0, 0, 0, 0

Untuk nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 5, 0, 0, 0, 0 diperoleh hasil simulasi pada masing-masing wilayah 5, 0, 0, 0, 0.



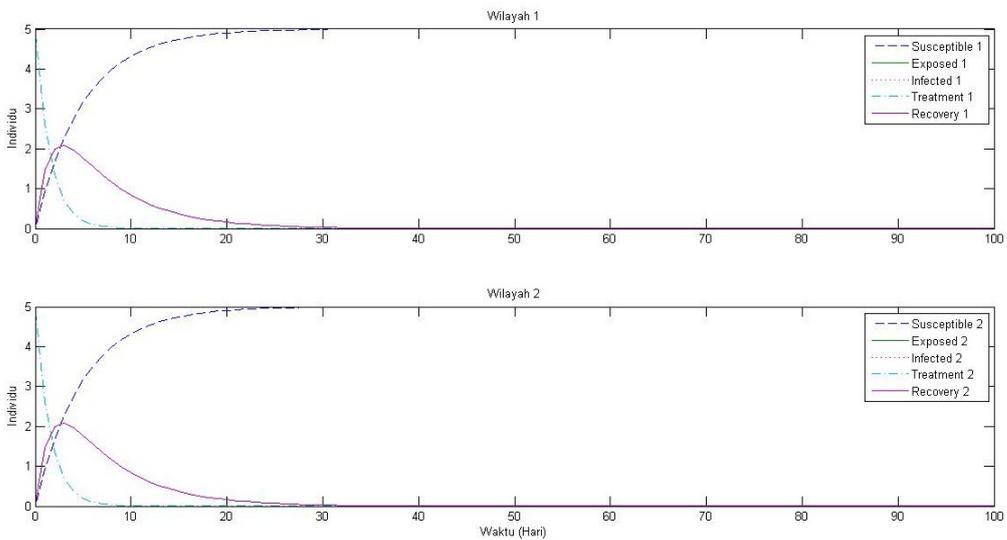
Gambar 4.13: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 5, 0, 0, 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 5, 0, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 4.43, 0.18, 0.10, 0.09, 0.24 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.



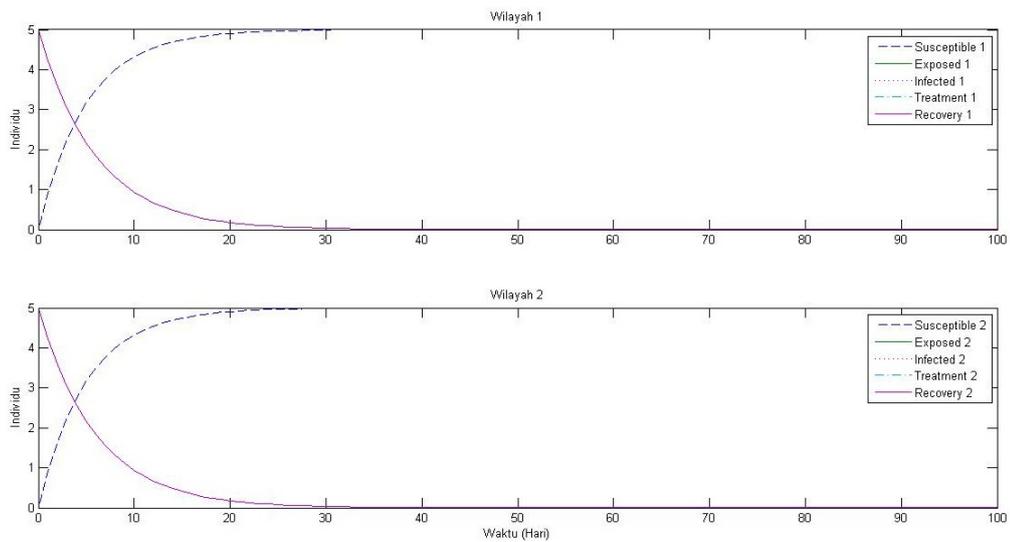
Gambar 4.14: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 5, 0, 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 5, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 4.43, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93.



Gambar 4.15: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 5, 0

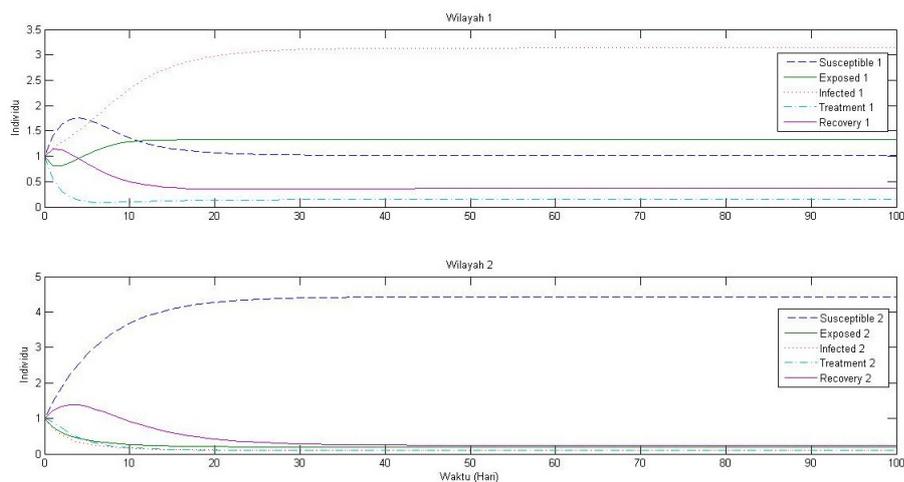
Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 0, 5, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 3.48×10^{-28} , 2.45×10^{-07} dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 3.48×10^{-28} , 2.45×10^{-07} .



Gambar 4.16: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 0, 5

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 0, 0, 5 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 0, 2.73×10^{-07} dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 0, 2.735×10^{-07} .

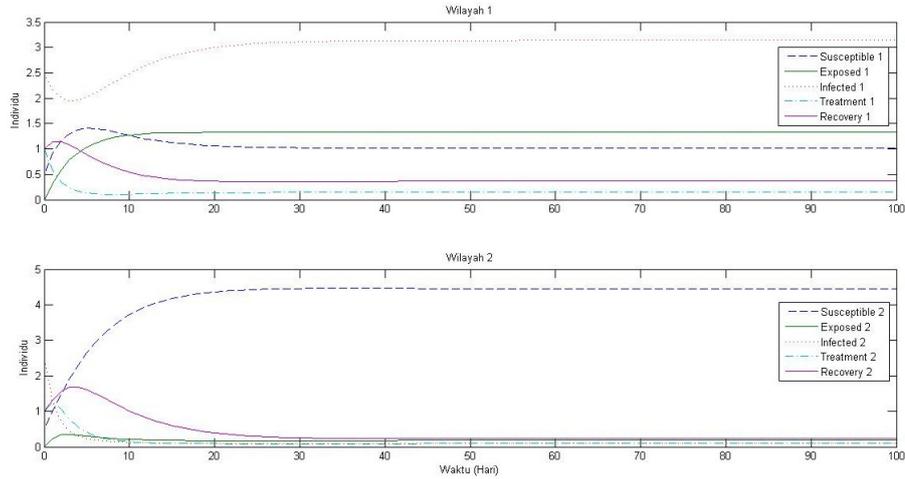
Pada percobaan simulasi diatas, diperoleh nilai akhir populasi sebesar 4.43, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24 dan pada wilayah 2 sebesar 2.77, 0.74, 0.40, 0.37, 0.93 untuk semua nilai awal, kecuali saat pada nilai awal populasi *infected* sebesar 0, sehingga dapat disimpulkan bahwa individu *infected* mempunyai peran yang besar dalam penyebaran.



Gambar 4.17: Simulasi dengan perbedaan rate pengobatan dengan masing-masing nilai awal 1

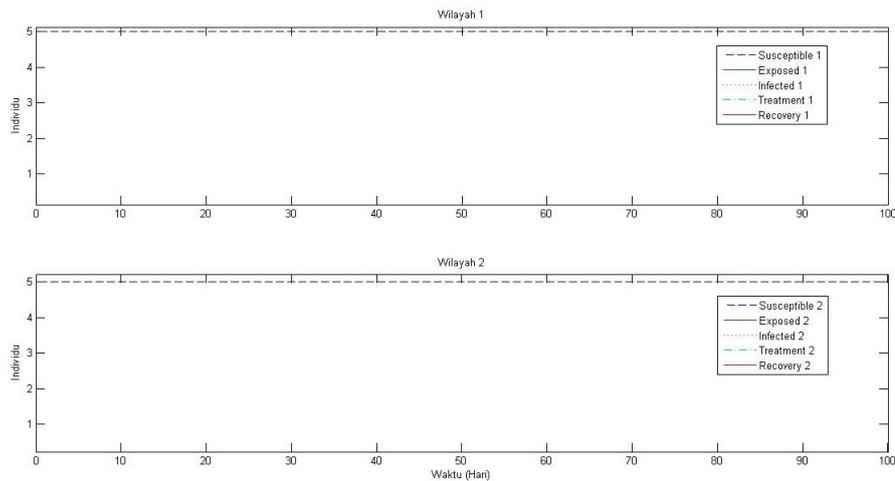
Terdapat perbedaan besar rate pengobatan, yaitu 0.03 pada wilayah pertama,

dan 0.6 pada wilayah 2, dengan rate transmisi kedua wilayah sebesar 0.25. Hasil dari simulasi diperoleh bahwa besar masing-masing populasi pada wilayah 1 adalah 1.01, 1.33, 3.14, 0.14, 0.37, dan pada wilayah 2 adalah 4.44, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24. Sehingga dapat diperoleh kesimpulan bahwa semakin tinggi nilai rate pengobatan dapat menurunkan besar populasi *infected*.



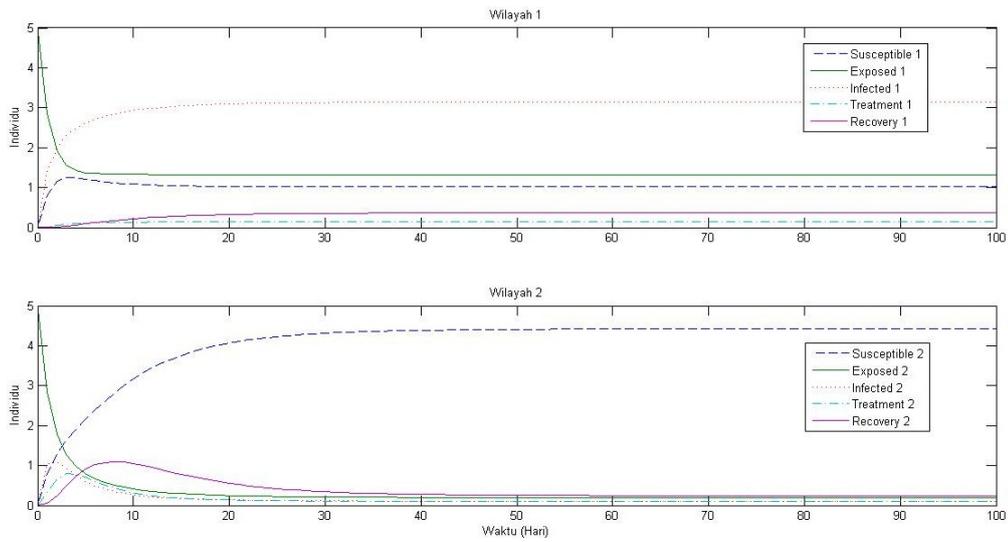
Gambar 4.18: Simulasi dengan perbedaan rate pengobatan dengan nilai awal 0.5, 0, 2.5, 1, 1

Perbedaan nilai awal yaitu pada wilayah masing-masing 0.5, 0, 2.5, 1, 1, dan besar parameter yang sama seperti pada simulasi sebelumnya. Hasil dari simulasi diperoleh bahwa besar masing-masing populasi wilayah 1 adalah 1.01, 1.33, 3.14, 0.14, 0.37, dan wilayah 2 adalah 4.44, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24.



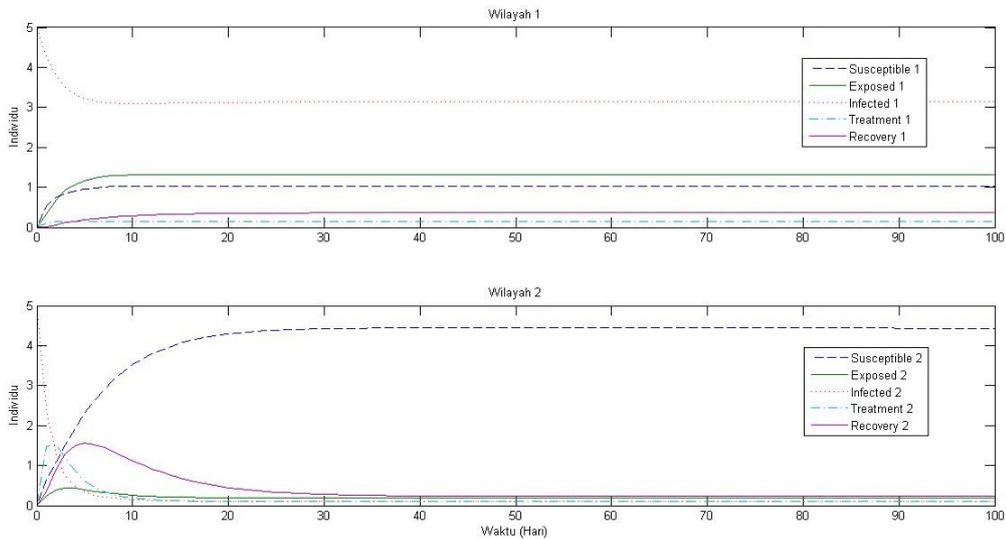
Gambar 4.19: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 5, 0, 0, 0, 0

Nilai awal pada wilayah sebesar 5, 0, 0, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 0, 0 dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 0, 0.



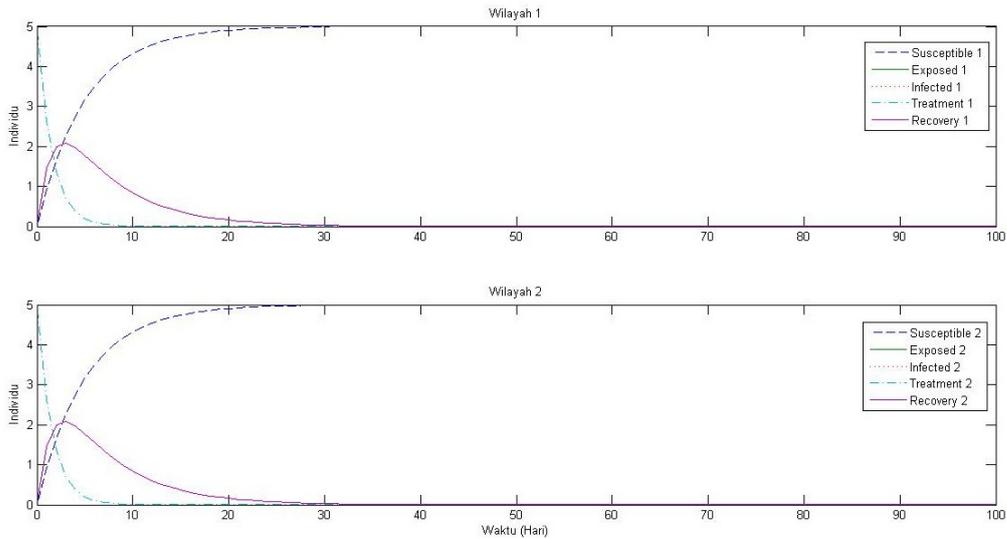
Gambar 4.20: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 5, 0, 0, 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 5, 0, 0, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 1.01, 1.33, 3.14, 0.14, 0.36 dan pada wilayah 2 sebesar 4.43, 0.18, 0.10, 0.09, 0.24.



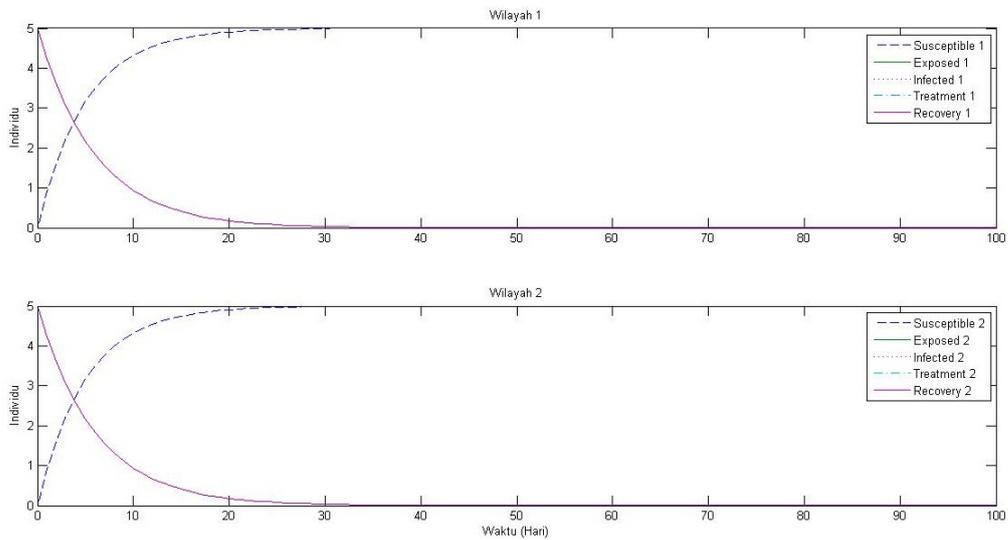
Gambar 4.21: Simulasi dengan perbedaan rate pengobatan pada nilai awal 0, 0, 5, 0, 0

Pada simulasi dibawah ini dengan perbedaan nilai awal yaitu pada wilayah masing-masing 0, 0, 5, 0, 0, dan besar parameter yang sama seperti pada simulasi sebelumnya. Hasil dari simulasi diperoleh bahwa besar masing-masing populasi pada wilayah 1 adalah 1.01, 1.33, 3.14, 0.14, 0.37, dan pada wilayah 2 adalah 4.44, 0.19, 0.10, 0.09, 0.24.



Gambar 4.22: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 5, 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 0, 5, 0 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 3.48×10^{-28} , 2.45×10^{-07} dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 3.48×10^{-28} , 2.45×10^{-07} .



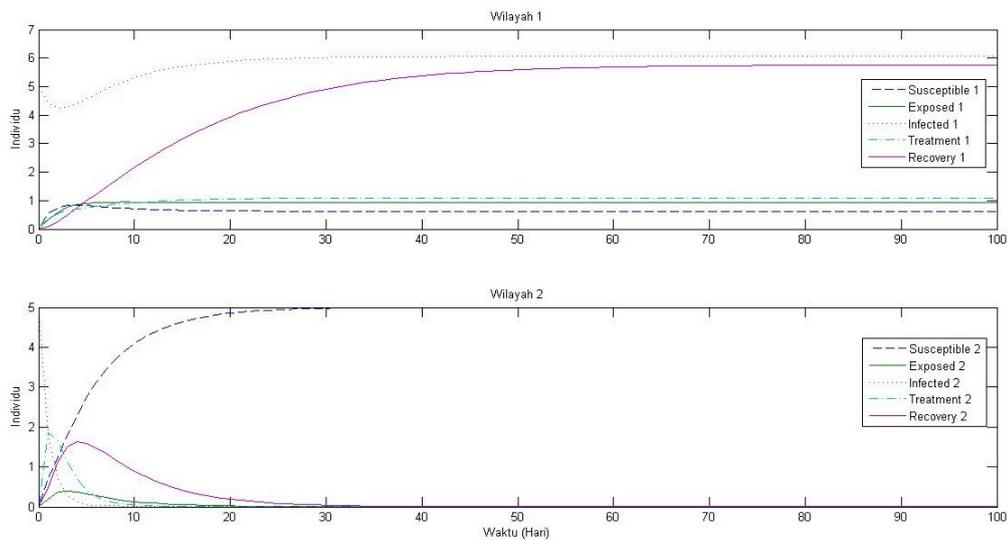
Gambar 4.23: Simulasi dengan perbedaan transmisi dan nilai awal 0, 0, 0, 5, 0

Nilai awal pada masing-masing wilayah sebesar 0, 0, 0, 0, 5 dan diperoleh nilai akhir populasi diperoleh sebesar 5, 0, 0, 0, 2.73×10^{-07} dan pada wilayah 2 sebesar 5, 0, 0, 0, 2.735×10^{-07} .

Sehingga pada percobaan simulasi dengan adanya perbedaan nilai awal pada masing-masing wilayah, dan dengan perbedaan rate pengobatan,

mempunyai nilai akhir yang sama jika nilai awal pada masing-masing populasi *susceptible* tidak bernilai 0.

Jika semua individu masuk kedalam populasi *susceptible* maka nilai akhir yang didapatkan adalah hanya populasi *susceptible*, dan populasi lainnya 0, dan jika semua individu masuk kedalam populasi *exposed* atau *infected* maka besar populasi akhir bergantung pada besar parameter yang diberikan. Untuk seluruh individu masuk pada populasi *treatment* dan dengan sembarang nilai parameter transmisi, maka didapatkan hasil populasi akhir yang sama, hal ini juga berlaku pada populasi *recovery*.



Gambar 4.24: Simulasi dengan rate transisi dan pengobatan yang berbeda

Simulasi diatas adalah berdasarkan fungsi lipschitz yang telah diperoleh, pada wilayah satu mencerminkan saat terjadinya penyebaran yang meluas, dengan rate transisi *exposed* menjadi *infected* adalah 0.9, dan rate kematian 0.1, serta rate pengobatan 0.1, maka menunjukkan terjadinya penyebaran yang meluas. Untuk simulasi pada wilayah 2 menggambarkan saat rate pengobatan 0.9, dan rate transisi *exposed* 0.1, sehingga diperoleh penurunan jumlah pada individu *infected* sehingga penyebaran penyakit tidak meluas.

BAB 5

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

1. Hasil konstruksi model epidemik pada dua wilayah dengan tiga lintasan tipe SEITR diperoleh hasil analisis bahwa sistem mempunyai persamaan dan tunggal, serta mempunyai penyelesaian positif pada masing-masing wilayah.
2. Berdasarkan analisis kestabilan masing-masing wilayah diperoleh bahwa sistem pada wilayah 1 dan wilayah 2 tidak stabil, jika rate transmisi penyakit lebih tinggi daripada rate pengobatan.
3. Berdasarkan analisis *domain of attraction* diperoleh hasil bahwa domain penyebaran penyakit terletak pada titik kesetimbangan endemik pada kedua wilayah, dan berdasarkan optimasi *domain of attraction* menunjukkan bahwa pusat penyebaran penyakit tersebar terletak pada wilayah yang mempunyai rate transmisi yang lebih tinggi.
4. Pada simulasi kestabilan masing-masing wilayah menunjukkan bahwa jumlah individu *infected* lebih tinggi daripada individu lainnya jika rate pengobatan lebih kecil daripada rate transmisi, dan semakin besar nilai rate transmisi maka semakin besar pula jumlah individu *infected* untuk semua nilai awal pada individu *infected* tidak nol. Jika semua individu masuk kedalam populasi *susceptible* maka nilai akhir yang didapatkan adalah hanya populasi *susceptible*, dan populasi lainnya 0, dan jika semua individu masuk kedalam populasi *exposed* atau *infected* maka besar populasi akhir bergantung pada besar parameter transmisi yang diberikan. Untuk seluruh individu masuk pada populasi *treatment* dan dengan sembarang nilai parameter transmisi, maka didapatkan hasil populasi akhir yang sama, hal ini juga berlaku pada populasi *recovery*.

5.2 Saran

Saran yang dapat diberikan untuk penelitian selanjutnya yaitu mengkontruksi model baru dengan lebih dari dua wilayah dan dengan perbandingan populasi yang berbeda pada setiap wilayahnya serta dengan perbedaan kernel.

DAFTAR PUSTAKA

- Boyce, W. E., DiPrima, R. C. dan Meade, D. B. (1992), *Elementary differential equations and boundary value problems*, Vol. 9, Wiley New York.
- Burden, R. L. dan Faires, J. D. (2001), 'Numerical analysis. 2001', *Brooks/Cole, USA* .
- Chen, X., Li, C., Lu, J. dan Jing, Y. (2012), 'The domain of attraction for a seir epidemic model based on sum of square optimization', *Bulletin of the Korean Mathematical Society* **49**(3), 517–528.
- Djafri, D. (2017), 'Pemodelan epidemiologi penyakit menular', *Jurnal Kesehatan Masyarakat Andalas* **10**(1), 1–2.
- Hariyanto, Hanafi, L. dan Wahyudi, S. (2017), Density and persistence analyze on the spreading models multi-regions multi-patches, *in* 'AIP Conference Proceedings', Vol. 1867, AIP Publishing, p. 020061.
- Khalil, H. K. (2002), 'Nonlinear systems. 2002', *ISBN 130673897*(9780130673), 893.
- Kusumayadi, E. A., Hariyanto dan Mardijah (2015), Analisis sistem dinamik model penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dan kontrol optimal pada populasi infected, Master's thesis, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
- Parrilo, P. (2006), 'Algebraic techniques and semidefinite optimization', *Massachusetts Institute of Technology: MIT OpenCourseWare, Spring* .
- Triwibowo, C. dan Pusphandani, M. E. (2015), *Pengantar dasar ilmu kesehatan masyarakat: untuk mahasiswa kesehatan masyarakat, keperawatan, dan kebidanan*, Nuha Medika.
- Wulansari, Hariyanto dan Imron (2015), Analisis model endemik dua wilayah dua lintasan, 2016, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
- Yolanda, D. dan Apriliani, E. (2016), 'Analisis dinamika model penyebaran penyakit menular tipe seirs berkaitan dengan transportasi antar-dua kota', *Jurnal Sains dan Seni ITS* **5**(2).

BIODATA PENULIS



Penulis bernama Nihaya Alivia Coraima Dewi, lahir di Lamongan, 09 Januari 1995. Penulis menempuh pendidikan formal dimulai dari MI Islamiyah Kedung Megarih, SMP Negeri 1 Kembangbahu, dan SMA Negeri 1 Lamongan. Kemudian melanjutkan studi ke jenjang S1 di Jurusan Matematika Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya pada tahun 2012 dengan jalur SNM-PTN dan lulus dari ITS pada tahun 2016. Setelah lulus penulis melanjutkan studi ke jenjang S2 di jurusan matematika pada tahun 2016. Penulis fokus pada bidang simulasi sistem dan pemodelan matematika. Jika ingin memberikan saran, kritik, dan diskusi mengenai Laporan Tesis ini, bisa melalui email alivianihaya@gmail.com.