

ANALISA MODEL EPIDEMIK DUA WILAYAH DUA LINTASAN

Nama Mahasiswa : Nurlita Wulansari
NRP : 1214 2010 35
Dosen Pembimbing : 1. Dr. Hariyanto, M.Si.
2. Dr. Chairul Imron, M.I.Komp.

ABSTRAK

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

Kata kunci : Model epidemik SEIR dua wilayah dan dua lintasan, bilangan reproduksi dasar, Runge-Kutta orde-4.

ANALYSIS OF TWO-REGIONS TWO-PATCHES EPIDEMIC MODEL

Name : Nurlita Wulansari
Student Identity Number : 1214 2010 35
Supervisor : 1. Dr. Hariyanto, M.Si.
2. Dr. Chairul Imron, M.I.Komp.

ABSTRACT

Increasing number of people who passed away in certain region that is caused by infected virus makes the people traumatic. This is not only caused by infected individual who lives in same region but also caused by infected individual from another region who travel from one region to another region by using public transportations. They can cause spreading of virus from infected individual to susceptible individual because of the body contact during journey. In this research, we construct epidemic model which has SEIR type that has purpose to describe spreading of virus among two regions through two patches, so spreading of virus can be predicted in a population. There are three models: model of first region, second region and patches. Every model is obtained the basic reproduction number which can be used to know a region in endemic or free diseases situation. Besides by comparing grade of the basic reproduction number in first region \mathcal{R}_{0_1} , second region \mathcal{R}_{0_2} and the patches \mathcal{R}_{0_3} so we can know the source of virus which causes first region, second region, and patches in endemic situation. $\mathcal{R}_{0_3} > \mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_1} > 1$ means spreading virus in the patches is the highest. This is caused by individual in patches which derive from first region and second region in endemic situation. $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_3} > 1$ and $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ means the source of spreading virus in the patches is infected individual from second region. $\mathcal{R}_{0_2} < \mathcal{R}_{0_1} < \mathcal{R}_{0_3} < 1$ means first region, second region and the patches in free diseases situation. Besides the epidemic model is analyzed existence and uniqueness that has goal to know that model has exist and unique solution. Next, epidemic model is studied by numerical solution using Runge-Kutta method and illustrated using software MATLAB.

Keywords : SEIR Epidemic model of two-regions two-patches, basic reproduction number, Runge-Kutta fourt orde.