

BAB 5

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil dan pembahasan pada penulisan tesis ini, maka dapat diambil kesimpulan sebagai berikut.

1. Berdasarkan fenomena yang ada dengan beberapa asumsi yang diberikan, diperoleh model epidemik pada wilayah satu, wilayah dua dan lintasan sebagai berikut:

a. Model pada wilayah satu

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1$$

$$\frac{dE_1}{dt} = \mu_1 \beta_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1$$

$$\frac{dI_1}{dt} = \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1$$

$$\frac{dR_1}{dt} = \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1$$

Dengan kondisi awal yaitu

$$S_1(0) = S_{1(0)}, E_1(0) = E_{1(0)}, I_1(0) = I_{1(0)}, R_1(0) = R_{1(0)},$$

dan kondisi batas

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S_1(t) = S_{maks}$$

$$\frac{\partial^2 I_1}{\partial x^2} < 0, I_1 \text{ bergerak hanya sampai dengan } L_1$$

Total populasi pada wilayah 1 yaitu

$$N_1(t) = S_1(t) + E_1(t) + I_1(t) + R_1(t), S_1(t), E_1(t), I_1(t), R_1(t) > 0$$

Pada model wilayah satu memiliki penyelesaian ada dan tunggal.

b. Model pada wilayah dua

$$\frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2$$

$$\frac{dE_2}{dt} = \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - (d_2 + \gamma_2) E_2 - b_2 E_2 + \sigma_5 E_2$$

$$\frac{dI_2}{dt} = \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2$$

$$\frac{dR_2}{dt} = \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2$$

Dengan kondisi awal yaitu

$$S_2(0) = S_{2(0)}, E_2(0) = E_{2(0)}, I_2(0) = I_{2(0)}, R_2(0) = R_{2(0)},$$

dan kondisi batas

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S_2(t) = S_{maks}$$

$$\frac{\partial^2 I_2}{\partial x^2} < 0, I_2 \text{ bergerak hanya sampai dengan } L_2$$

Total populasi pada wilayah 2 yaitu

$$N_2(t) = S_2(t) + E_2(t) + I_2(t) + R_2(t), S_2(t), E_2(t), I_2(t), R_2(t) > 0$$

Pada model wilayah dua memiliki penyelesaian ada dan tunggal.

c. Model pada lintasan

$$\frac{d(S_{ik})_j}{dt} = (d_{ik})_j (N_{ik})_j - (d_{ik})_j (S_{ik})_j - \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j$$

$$+ \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (S_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (S_{ik})_j$$

$$\frac{d(E_{ik})_j}{dt} = \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j - (d_{ik})_j (E_{ik})_j - (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j$$

$$+ \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (E_{ik})_j$$

$$\frac{d(I_{ik})_j}{dt} = (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j - (d_{ik})_j (I_{ik})_j - (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j$$

$$\frac{d(R_{ik})_j}{dt} = (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j - (d_{ik})_j (R_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_p$$

$$- \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (R_{ik})_j$$

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

Dengan $i = 1, 2$ adalah banyaknya kota asal, $j = 1, 2$ adalah banyaknya

lintasan, $k = 1, 2$ adalah banyaknya kota tujuan.

Diberikan nilai awal yaitu

$$(S_{ik})_j(0) = S_{(ik)j(0)}, (E_{ik})_j(0) = E_{(ik)j(0)}$$

, $(I_{ik})_j(0) = I_{(ik)_j(0)}$, $(R_{ik})_j(0) = R_{(ik)_j(0)}$
 dan kondisi batas

$$\lim_{t \rightarrow \infty} (S_{ik})_j(t) = (S_{ik})_{j \text{ maks}}$$

$$\frac{\partial^2 (I_{ik})_j}{\partial x^2} < 0, (I_{ik})_j \text{ tidak bergerak atau diisolasi di lintasan}$$

Total populasi pada lintasan

$$(N_{ik})_j = (S_{ik})_j + (E_{ik})_j + (I_{ik})_j + (R_{ik})_j$$

dengan $(S_{ik})_j(t), (E_{ik})_j(t), (I_{ik})_j(t), (R_{ik})_j(t) > 0$

Pada model lintasan memiliki penyelesaian ada dan tunggal.

2. Pada model wilayah satu, wilayah dua dan pada lintasan didapatkan bilangan reproduksi dasar yang bertujuan untuk mengetahui aliran penyebaran virus pada masing-masing model.

a. Pada model wilayah satu

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

dengan

$$(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2) > 0 \quad \text{dan} \quad (d_1 + \varphi_1) > 0$$

b. Pada model wilayah dua

$$\mathcal{R}_{02} = \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)}$$

dengan

$$(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5) > 0 \quad \text{dan} \quad (d_2 + \varphi_2) > 0$$

c. Pada model lintasan

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

3. Hasil simulasi yang didapatkan sesuai dengan hasil analisis yang didapatkan pada bilangan reproduksi dasar.

a. $\mathcal{R}_{03} > \mathcal{R}_{02} > \mathcal{R}_{01} > 1$ artinya penyebaran virus di lintasan paling tinggi. Hal ini dikarenakan individu di lintasan berasal dari wilayah satu dan dua. Sedangkan wilayah satu dan dua dalam keadaan endemik. $\mathcal{R}_{02} > \mathcal{R}_{01}$ artinya penyebaran virus di wilayah dua lebih tinggi

daripada di wilayah satu. Hal ini dikarenakan *rate* transmisi virus di wilayah dua (β_2) lebih besar daripada *rate* transmisi virus di wilayah satu (β_1). Penyebaran virus di wilayah satu tidak hanya disebabkan oleh individu *infected* dari wilayah satu, tetapi juga dapat disebabkan oleh individu *exposed* yang melakukan *travelling* dari wilayah dua yang berubah status menjadi individu *infected* di wilayah satu.

- b. $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_3} > 1$ dan $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ artinya sumber penyebaran virus di lintasan adalah individu *infected* dari wilayah dua. Individu *infected* ini merupakan individu *exposed* yang berubah status menjadi Individu *infected* setelah melewati masa inkubasinya saat di lintasan. Individu tersebut dapat menularkan virus kepada individu lain saat di lintasan.
- c. $\mathcal{R}_{0_2} < \mathcal{R}_{0_1} < \mathcal{R}_{0_3} < 1$ artinya tidak terjadi infeksi virus di wilayah satu, dua dan lintasan. Lintasan dalam keadaan bebas penyakit karena individu dari wilayah satu dan wilayah dua dalam keadaan bebas penyakit. Keadaan bebas penyakit bukan berarti tidak ada virus dalam suatu wilayah, melainkan suatu wilayah tersebut masih terdapat virus. Namun virus tersebut tidak sampai menginfeksi manusia. Berdasarkan \mathcal{R}_0 yang diperoleh dapat disimpulkan bahwa virus di lintasan paling banyak daripada di wilayah satu dan di wilayah dua.

5.2 Saran

Model epidemik pada wilayah satu dan wilayah dua dapat ditambahkan subpopulasi terisolasi, sehingga individu terinfeksi dari wilayah satu ketika memasuki ke wilayah dua dapat dimasukkan kedalam subpopulasi terisolasi pada wilayah dua. Individu terinfeksi dari wilayah dua ketika memasuki ke wilayah satu dapat dimasukkan kedalam subpopulasi terisolasi pada wilayah satu.