

BAB III PEMBAHASAN

3.1 Model Epidemi *SIQS*

Populasi yang dibahas pada model *SIQS* ini terdapat tiga populasi, yaitu $S_1, I_1, Q_1, S_2, I_2,$ dan Q_2 yang berturut-turut mewakili jumlah populasi *susceptible*, *infective*, dan *quarantine* di wilayah pertama dan kedua. Kedua wilayah diasumsikan identik. Diagram Kompartemen model ditunjukkan pada Gambar 3.1. Laju perubahan populasi *susceptible*, *infective*, dan *quarantine* sebagai berikut.

3.1.1 Laju perubahan populasi *susceptible*

Semua individu yang sehat serta individu yang baru lahir mempunyai kemungkinan terinfeksi dan disebut individu *susceptible*. Parameter a menyatakan laju kelahiran alami di setiap wilayah. Laju perubahan populasi *susceptible* berbanding lurus dengan laju kelahiran alami per satuan waktu, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= a, \\ \frac{dS_2}{dt} &= a.\end{aligned}$$

Banyaknya individu *susceptible* dapat berkurang akibat kematian alami, yaitu kematian yang tidak disebabkan oleh infeksi penyakit. Parameter b menyatakan laju kematian alami. Laju perubahan populasi *susceptible* pada waktu t berbanding lurus dengan berkurangnya individu *susceptible* karena kematian alami, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= -bS_1, \\ \frac{dS_2}{dt} &= -bS_2.\end{aligned}$$

Jika individu *susceptible* melakukan kontak dengan individu *infective*, maka individu *susceptible* akan terkena penyakit. Parameter β menyatakan laju penularan penyakit dalam wilayah yang terjadi melalui kontak langsung dengan individu *infective*. Laju perubahan populasi *susceptible* berbanding lurus dengan berkurangnya individu *susceptible* karena kontak langsung dengan satu individu *infective* per kapita per satuan waktu, yaitu

$$\frac{dS_1}{dt} = -\frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1}$$

$$\frac{dS_2}{dt} = -\frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2}$$

Individu *infective* dan *quarantine* dapat sembuh kembali menjadi individu *susceptible*, sehingga laju individu *infective* dan *quarantine* yang kembali rentan berturut-turut dinyatakan dalam parameter d dan f . Laju perubahan populasi *susceptible* dan *quarantine* pada waktu t berbanding lurus dengan bertambahnya individu *susceptible* karena individu *infective* dan *quarantine* sembuh, yaitu

$$\frac{dS_1}{dt} = dI_1 + fQ_1,$$

$$\frac{dS_2}{dt} = dI_2 + fQ_2.$$

Adanya transportasi antar-dua wilayah, maka terjadi perpindahan individu *susceptible* dari wilayah satu ke wilayah lain. Berturut-turut $(1 - \theta_d)I_1$, α dan γ menyatakan individu *infective* yang lolos pemeriksaan keluar, laju transportasi individu dan laju penularan penyakit antar-dua wilayah. Laju perubahan populasi *susceptible* berbanding lurus dengan bertambahnya individu *susceptible* yang datang dari wilayah lain dan berkurang karena adanya interaksi dari individu *infective* dan *susceptible* yang datang dari wilayah lainnya, selain itu berkurang karena ada individu *susceptible* yang pergi ke wilayah lain, yaitu

$$\frac{dS_1}{dt} = -\alpha S_1 + \alpha S_2 - \frac{\gamma(1 - \theta_d)\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2}$$

$$\frac{dS_2}{dt} = -\alpha S_2 + \alpha S_1 - \frac{\gamma(1 - \theta_d)\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1}$$

Dengan demikian, dapat dibuat model laju perubahan populasi *infective* antar-dua kota per satuan waktu yaitu

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= a - bS_1 - \frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1} + dI_1 + fQ_1 - \alpha S_1 + \alpha S_2 \\ &\quad - \frac{\gamma(1 - \theta_d)\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1}, \\ \frac{dS_2}{dt} &= a - bS_2 - \frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2} + dI_2 + fQ_2 - \alpha S_1 + \alpha S_2 \\ &\quad - \frac{\gamma(1 - \theta_d)\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2} \end{aligned} \quad (3.1)$$

3.1.2 Laju perubahan populasi *Infective*

Adanya interaksi individu *susceptible* dengan individu *infective* menjadikan individu *susceptible* terkena penyakit. Laju perubahan populasi *infective* berbanding lurus dengan jumlah individu *susceptible* yang melakukan kontak dengan individu *infective* per kapita per satuan waktu, yaitu

$$\begin{aligned} \frac{dI_1}{dt} &= \frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1}, \\ \frac{dI_2}{dt} &= \frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2}. \end{aligned}$$

Banyaknya individu *infective* bisa berkurang karena kematian alami. Kematian alami yaitu kematian yang tidak disebabkan oleh infeksi penyakit. Individu *infective* dapat berkurang karena adanya pemeriksaan keluar melalui transportasi satu wilayah. Laju perubahan populasi *infective* pada waktu t berbanding lurus dengan berkurangnya individu *infective* karena kematian alami dan akibat proses pemeriksaan keluar, yaitu

$$\begin{aligned} \frac{dI_1}{dt} &= -cI_1 - \theta_d \alpha I_1, \\ \frac{dI_2}{dt} &= -cI_2 - \theta_d \alpha I_2. \end{aligned}$$

Individu *infective* dapat sembuh kembali menjadi *susceptible*. d menyatakan laju individu *infective* yang kembali rentan. Laju perubahan populasi *infective* pada waktu t berbanding lurus dengan berkurangnya individu *infective* karena sembuh, yaitu

$$\frac{dI_1}{dt} = -dI_1,$$

$$\frac{dI_2}{dt} = -dI_2.$$

Adanya transportasi antar-dua wilayah, maka terjadi perpindahan individu *infective* dari wilayah satu ke wilayah lain. Parameter α menyatakan laju transportasi individu antar-dua wilayah tersebut. Laju perubahan populasi *infective* berbanding lurus dengan bertambahnya individu *infective* yang datang dari wilayah lain dan berkurangnya individu *infective* yang pergi ke wilayah lain, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dI_1}{dt} &= -\alpha I_1 + \alpha I_2, \\ \frac{dI_2}{dt} &= -\alpha I_2 + \alpha I_1.\end{aligned}$$

Pemeriksaan masuk pada individu *infective* yang lolos dari pemeriksaan keluar pada wilayah 2 menyebabkan berkurangnya individu *infective* pada wilayah 1. Individu *infective* yang lolos dari pemeriksaan keluar pada wilayah 2 dinyatakan dengan $(1 - \theta_d)I_2$ dan berlaku sebaliknya. Sedangkan laju pemeriksaan masuk melalui transportasi antar-dua wilayah dinyatakan dengan $\theta_e \alpha$ sehingga dapat ditulis sebagai

$$\begin{aligned}\frac{dI_1}{dt} &= -\theta_e(1 - \theta_d)\alpha I_2, \\ \frac{dI_2}{dt} &= -\theta_e(1 - \theta_d)\alpha I_1.\end{aligned}$$

Transportasi antar-dua wilayah menyebabkan penyebaran penyakit karena ada interaksi individu *susceptible* dengan *infective*. Individu *infective* ini berasal dari wilayah sebelumnya yang lolos dari pemeriksaan masuk. Laju penyebaran penyakit melalui transportasi antar-dua wilayah berbanding lurus dengan bertambahnya laju perubahan populasi *infective*, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dI_1}{dt} &= \frac{(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2}, \\ \frac{dI_2}{dt} &= \frac{(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1}.\end{aligned}$$

Individu *infective* dapat berkurang karena adanya pemeriksaan masuk melalui transportasi antar-dua wilayah. Laju perubahan

populasi *infective* pada waktu t berbanding lurus dengan berkurangnya individu *infective* karena proses pemeriksaan keluar, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dI_1}{dt} &= -\frac{\theta_e(1-\theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1-\theta_d)I_2}, \\ \frac{dI_2}{dt} &= -\frac{\theta_e(1-\theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1-\theta_d)I_1}.\end{aligned}$$

Dengan demikian, dapat dibuat model laju perubahan populasi *infective* antar-dua kota per satuan waktu yaitu

$$\begin{aligned}\frac{\partial I_1}{\partial t} &= \frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1} - (c+d)I_1 - \theta_d\alpha I_1 - \alpha I_1 + \alpha I_2 \\ &\quad - \theta_d\alpha I_2 - \theta_e(1-\theta_d)\alpha I_2 \\ &\quad + \frac{(1-\theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1-\theta_d)I_2} - \frac{\theta_e(1-\theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1-\theta_d)I_2} \\ \frac{\partial I_2}{\partial t} &= \frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2} - (c+d)I_2 - \theta_d\alpha I_2 - \alpha I_2 + \alpha I_1 \\ &\quad - \theta_d\alpha I_1 - \theta_e(1-\theta_d)\alpha I_1 \\ &\quad + \frac{(1-\theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1-\theta_d)I_1} - \frac{\theta_e(1-\theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1-\theta_d)I_1}\end{aligned}\quad (3.2)$$

3.1.3 Laju perubahan populasi *quarantine*

Individu *quarantine* bisa berkurang karena adanya kematian alami. Kematian alami ini dinyatakan dengan parameter e . Selain itu, individu *quarantine* dapat sembuh kembali menjadi individu *susceptible*. Laju perubahan populasi *quarantine* berbanding lurus dengan berkurangnya individu *quarantine* yang kembali rentan dan disebabkan kematian alami, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dQ_1}{dt} &= -eQ_1 - fQ_1, \\ \frac{dQ_2}{dt} &= -eQ_2 - fQ_2.\end{aligned}$$

Individu *quarantine* dapat bertambah karena adanya pemeriksaan keluar melalui transportasi satu wilayah dari individu *infective*. Laju perubahan populasi *quarantine* pada waktu t berbanding lurus dengan bertambahnya individu *infective* karena proses pemeriksaan keluar, yaitu

$$\frac{dQ_1}{dt} = \theta_a \alpha I_1,$$

$$\frac{dQ_2}{dt} = \theta_a \alpha I_2.$$

Individu *quarantine* dapat bertambah karena adanya pemeriksaan masuk dari individu *infective*. Individu *infective* ini dibedakan menjadi dua. Individu *infective* yang melakukan kontak dengan individu *susceptible* dan individu *infective* yang tidak melakukan kontak dengan individu *susceptible*.

Pemeriksaan masuk karena adanya kontak dengan *susceptible* dinyatakan dengan parameter $\theta_e \gamma \alpha$. Laju perubahan populasi *quarantine* berbanding lurus dengan bertambahnya pemeriksaan masuk terhadap individu *infective* yang disebabkan karena kontak dengan *susceptible*, yaitu

$$\frac{dQ_1}{dt} = \frac{\theta_e (1 - \theta_a) \gamma \alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_a) I_2},$$

$$\frac{dQ_2}{dt} = \frac{\theta_e (1 - \theta_a) \gamma \alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_a) I_1}.$$

Pemeriksaan masuk individu *infective* yang tidak melakukan kontak dengan individu *susceptible* dinyatakan dengan parameter $\theta_e \alpha$. Laju perubahan populasi *quarantine* berbanding lurus dengan bertambahnya pemeriksaan masuk terhadap individu *infective* yang tidak melakukan kontak dengan *susceptible*, yaitu

$$\frac{dQ_1}{dt} = \theta_e (1 - \theta_a) \alpha I_2,$$

$$\frac{dQ_2}{dt} = \theta_e (1 - \theta_a) \alpha I_1.$$

Dengan demikian, dapat dibuat model laju perubahan populasi *infective* antar-dua kota per satuan waktu yaitu

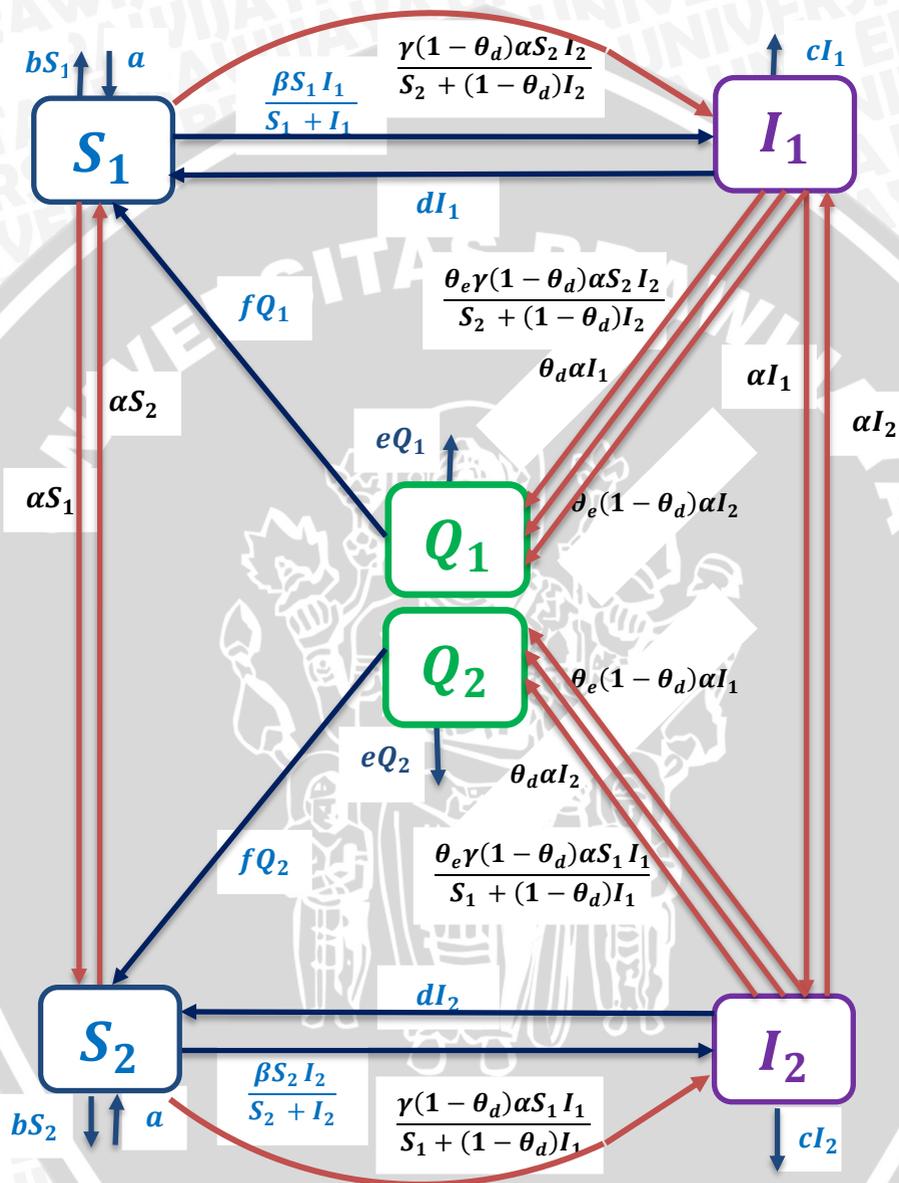
$$\begin{aligned} \frac{dQ_1}{dt} &= \theta_a \alpha I_1 - e Q_1 - f Q_1 + \theta_e (1 - \theta_a) \alpha I_2 \\ &\quad + \frac{\theta_e (1 - \theta_a) \gamma \alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_a) I_2}, \\ \frac{dQ_2}{dt} &= \theta_a \alpha I_2 - e Q_2 - f Q_2 + \theta_e (1 - \theta_a) \alpha I_1 \\ &\quad + \frac{\theta_e (1 - \theta_a) \gamma \alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_a) I_1}. \end{aligned} \quad (3.3)$$

Dari persamaan (3.1), (3.2), dan (3.3) diperoleh laju perubahan populasi *susceptible*, *infective*, dan *quarantine*. Dengan demikian model *SIQS* dengan melibatkan individu *susceptible*, *infective*, dan *quarantine* yang bepergian antar-dua kota memenuhi sistem persamaan diferensial nonlinear sebagai berikut

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial S_1}{\partial t} &= a - bS_1 - \frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1} + dI_1 + fQ_1 - \alpha S_1 + \alpha S_2 \\
 &\quad - \frac{\gamma(1 - \theta_d)\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2}, \\
 \frac{\partial S_2}{\partial t} &= a - bS_2 - \frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2} + dI_2 + fQ_2 - \alpha S_2 + \alpha S_1 \\
 &\quad - \frac{\gamma(1 - \theta_d)\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1}, \\
 \frac{\partial I_1}{\partial t} &= \frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1} - (c + d)I_1 - \alpha I_1 + \alpha I_2 - \theta_d \alpha I_2 \\
 &\quad - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha I_2 + \frac{(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2} \\
 &\quad - \frac{\theta_e(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2}, \\
 \frac{\partial I_2}{\partial t} &= \frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2} - (c + d)I_2 - \alpha I_2 + \alpha I_1 - \theta_d \alpha I_1 \\
 &\quad - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha I_1 + \frac{(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1} \\
 &\quad - \frac{\theta_e(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1}, \\
 \frac{dQ_1}{dt} &= \theta_d \alpha I_1 - eQ_1 - fQ_1 + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha I_2 \\
 &\quad + \frac{\theta_e(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_d)I_2}, \\
 \frac{dQ_2}{dt} &= \theta_d \alpha I_2 - eQ_2 - fQ_2 + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha I_1 \\
 &\quad + \frac{\theta_e(1 - \theta_d)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_d)I_1}.
 \end{aligned} \tag{3.4}$$

dengan

- S_i : banyaknya individu *susceptible* di wilayah i pada waktu t ($i = 1,2$),
- I_i : banyaknya individu *infective* di wilayah i pada waktu t ($i = 1,2$),
- Q_i : banyaknya individu *quarantine* di wilayah i pada waktu t ($i = 1,2$),
- $(1 - \theta_d)I_i$: banyaknya individu *infective* yang lolos pemeriksaan keluar di wilayah i pada waktu t ($i = 1,2$),
- a : laju kelahiran individu *susceptible*,
- b : laju kematian alami individu *susceptible*,
- c : laju kematian alami dan kematian yang disebabkan oleh penyakit pada individu *infective*, dengan $c > b$,
- d : laju individu *infective* yang kembali rentan,
- e : laju kematian alami individu *quarantine*,
- f : laju individu *quarantine* yang kembali rentan,
- θ_d : peluang sukses dalam mendeteksi individu *infective* pada pemeriksaan keluar,
- θ_e : peluang sukses dalam mendeteksi individu *infective* pada pemeriksaan masuk,
- α : laju transportasi,
- β : laju penularan dalam wilayah,
- γ : laju penularan antar-dua wilayah,
- $\gamma\alpha$: laju penularan melalui transportasi antar-dua wilayah,
- $\frac{\beta S_i I_i}{S_i + I_i}$: *incidence rate* (jumlah kasus infeksi baru per satuan waktu) dalam wilayah i ($i = 1,2$), dan
- $\frac{\gamma(\alpha S_j)(\alpha I_j)}{\alpha S_j + \alpha I_j}$: *incidence rate* (jumlah kasus infeksi baru per satuan waktu) dari wilayah j ke wilayah i , $j \neq i$ ($j, i = 1,2$).



Gambar 3.1 Diagram kompartemen model SIQS

3.2 Titik Kesetimbangan Sistem

3.2.1 Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Berdasarkan batasan masalah, kedua wilayah identik sehingga $S_1 = S_2 = S$, $I_1 = I_2 = I$, dan $Q_1 = Q_2 = Q$. Sesuai dengan definisi, titik kesetimbangan dari sistem persamaan (3.4) dapat diperoleh jika $\frac{dS}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dQ}{dt} = 0$. Sistem persamaan (3.4) dapat ditulis

$$a - bS - \frac{\beta SI}{S+I} + dI + fQ - \frac{\gamma(1-\theta_d)\alpha SI}{S+(1-\theta_d)I} = 0 \quad (3.4a)$$

$$\frac{\beta SI}{S+I} - (c+d)I - \theta_d \alpha I - \theta_e(1-\theta_d)\alpha I + \frac{(1-\theta_d)\gamma \alpha SI}{S+(1-\theta_d)I} - \frac{\theta_e(1-\theta_d)\gamma \alpha SI}{S+(1-\theta_d)I} = 0 \quad (3.4b)$$

$$\theta_d \alpha I - eQ - fQ + \theta_e(1-\theta_d)\alpha I + \frac{\theta_e(1-\theta_d)\gamma \alpha SI}{S+(1-\theta_d)I} = 0 \quad (3.4c)$$

Untuk mencari titik kesetimbangan bebas penyakit maka populasi yang ada hanyalah populasi *susceptible*. Semua populasi yang ada dianggap sehat dan tidak ada yang mengalami sakit sehingga $I = 0$ dan $Q = 0$ maka persamaan (3.4a) dapat ditulis

$$a - bS = 0$$

$$bS = a$$

$$S = \frac{a}{b}$$

kemudian didapat titik kesetimbangan bebas penyakitnya yaitu

$$E_0(S_1^0, I_1^0, Q_1^0, S_2^0, I_2^0, Q_2^0) = \left(\frac{a}{b}, 0, 0, \frac{a}{b}, 0, 0\right)$$

3.2.2 Angka Reproduksi Dasar

Pendekatan angka reproduksi dasar dari sistem persamaan (3.4) diawali dengan pembentukan matriks Jacobi. Sebelum membentuk matriks Jacobi, akan dibentuk matriks k dan matriks y . Matriks tersebut diambil dari sistem (3.4) yang populasinya terinfeksi yakni populasi *infective* dan *quarantine*. Matriks k adalah matriks yang komponennya merupakan laju dari munculnya infeksi baru yang masuk kompartemen. Matriks y adalah matriks yang komponennya merupakan laju dari transfer masuk atau keluar dari kompartemen satu ke lainnya. Berturut-turut k_1, k_2, k_3, k_4 dan y_1, y_2, y_3, y_4 merupakan laju munculnya infeksi baru yang masuk

dan laju dari transfer masuk atau keluar dari kompartemen satu ke kompartemen lainnya pada $\frac{\partial I_1}{\partial t}, \frac{\partial Q_1}{\partial t}, \frac{\partial I_2}{\partial t}, \frac{\partial Q_2}{\partial t}$.

Matriks k dan matriks y adalah

$$k = \begin{pmatrix} k_1 \\ k_2 \\ k_3 \\ k_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\beta S_1 I_1}{S_1 + I_1} + \frac{(1 - \theta_a)(1 - \theta_e)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_a)I_2} \\ \frac{\theta_e(1 - \theta_a)\gamma\alpha S_2 I_2}{S_2 + (1 - \theta_a)I_2} \\ \frac{\beta S_2 I_2}{S_2 + I_2} + \frac{(1 - \theta_a)(1 - \theta_e)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_a)I_1} \\ \frac{\theta_e(1 - \theta_a)\gamma\alpha S_1 I_1}{S_1 + (1 - \theta_a)I_1} \end{pmatrix}$$

$$y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (c + d + \alpha)I_1 - (1 - \theta_e)(1 - \theta_a)\alpha I_2 \\ -\theta_a\alpha I_1 - \theta_e(1 - \theta_a)\alpha I_2 + (e + f)Q_1 \\ (c + d + \alpha)I_2 - (1 - \theta_e)(1 - \theta_a)\alpha I_1 \\ -\theta_a\alpha I_2 - \theta_e(1 - \theta_a)\alpha I_1 + (e + f)Q_2 \end{pmatrix}$$

Kedua matriks tersebut dibentuk matriks Jacobinya yang diturunkan terhadap individu yang terkena infeksi dan disubstitusikan titik kesetimbangan bebas penyakit, yaitu

$$K = \begin{pmatrix} \frac{\partial k_1(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial k_1(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial k_1(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial k_1(E_0)}{\partial Q_2} \\ \frac{\partial k_2(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial k_2(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial k_2(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial k_2(E_0)}{\partial Q_2} \\ \frac{\partial k_3(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial k_3(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial k_3(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial k_3(E_0)}{\partial Q_2} \\ \frac{\partial k_4(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial k_4(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial k_4(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial k_4(E_0)}{\partial Q_2} \end{pmatrix}$$

$$Y = \begin{pmatrix} \frac{\partial y_1(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial y_1(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial y_1(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial y_1(E_0)}{\partial Q_2} \\ \frac{\partial y_2(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial y_2(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial y_2(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial y_2(E_0)}{\partial Q_2} \\ \frac{\partial y_3(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial y_3(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial y_3(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial y_3(E_0)}{\partial Q_2} \\ \frac{\partial y_4(E_0)}{\partial I_1} & \frac{\partial y_4(E_0)}{\partial Q_1} & \frac{\partial y_4(E_0)}{\partial I_2} & \frac{\partial y_4(E_0)}{\partial Q_2} \end{pmatrix}$$

sehingga didapatkan

$$K = \begin{pmatrix} \beta & 0 & (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\gamma\alpha & 0 \\ 0 & 0 & \theta_e(1 - \theta_d)\gamma\alpha & 0 \\ (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\gamma\alpha & 0 & \beta & 0 \\ \theta_e(1 - \theta_d)\gamma\alpha & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$Y = \begin{pmatrix} c + d + \alpha & 0 & -(1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha & 0 \\ -\theta_d\alpha & e + f & -\theta_e(1 - \theta_d)\alpha & 0 \\ -(1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha & 0 & c + d + \alpha & 0 \\ -\theta_e(1 - \theta_d)\alpha & 0 & -\theta_d\alpha & e + f \end{pmatrix}.$$

Setelah mendapatkan matriks Jacobinya, kemudian dibentuk matriks generasi selanjutnya yaitu

$$P = KY^{-1} = \begin{pmatrix} \delta & 0 & \varphi & 0 \\ \varepsilon & 0 & \varphi & 0 \\ \omega & 0 & \delta & 0 \\ \varphi & 0 & \varepsilon & 0 \end{pmatrix}$$

dengan

$$\delta = \frac{\beta(c + d + \alpha) + (1 - \theta_e)^2(1 - \theta_d)^2\alpha^2\gamma}{(c + d + \alpha)^2 - (1 - \theta_e)^2(1 - \theta_d)^2\alpha^2},$$

$$\varepsilon = \frac{(1 - \theta_e)^2(1 - \theta_d)^2\theta_e\alpha^2\gamma}{(c + d + \alpha)^2 - (1 - \theta_e)^2(1 - \theta_d)^2\alpha^2},$$

$$\omega = \frac{\beta(1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha + (1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha\gamma(c + d + \alpha)}{(c + d + \alpha)^2 - (1 - \theta_e)^2(1 - \theta_d)^2\alpha^2},$$

$$\varphi = \frac{(c + d + \alpha)(1 - \theta_d)\theta_e\alpha\gamma}{(c + d + \alpha)^2 - (1 - \theta_e)^2(1 - \theta_d)^2\alpha^2}.$$

Dari matriks P , diperoleh empat nilai eigen

$$\lambda_1 = \lambda_2 = 0, \lambda_3 = \delta - \omega, \lambda_4 = \delta + \omega.$$

Angka reproduksi dasar adalah *spectral radius* dari operator generasi selanjutnya, yakni

$$\mathcal{R}_0 = \eta(P)$$

$$\mathcal{R}_0 = \max\{\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4\}$$

$$= \max\{0, 0, \delta - \omega, \delta + \omega\}$$

$$= \delta + \omega = \frac{\beta + (1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha\gamma}{c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha}.$$

Perhitungan detail angka reproduksi dasar dapat dilihat di Lampiran

2.

3.2.2 Titik Kesetimbangan Endemik

Berdasarkan asumsi yang telah dijelaskan pada Bab 1, sistem persamaan (3.4) dapat ditulis seperti pada sistem persamaan (3.4a), (3.4b) dan (3.4c) dengan $\frac{\partial S_1}{\partial t} = \frac{\partial S_2}{\partial t} = 0$, $\frac{\partial I_1}{\partial t} = \frac{\partial I_2}{\partial t} = 0$, $\frac{\partial Q_1}{\partial t} = \frac{\partial Q_2}{\partial t} = 0$. Sesuai dengan perhitungan pada Lampiran 1, titik kesetimbangan endemik sistem persamaan (3.4) yaitu $E_*(S_1^*, I_1^*, Q_1^*, S_2^*, I_2^*, Q_2^*)$

dengan $S^* = M\left(\frac{a}{bM+c+eN}\right)$, $Q^* = N\left(\frac{a}{bM+c+eN}\right)$, $I^* = \frac{a}{bM+c+eN}$,
 $\xi = \beta + (1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha\gamma - (c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha)$,
 $\eta = c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha$,

$$M = \frac{-\xi - (1 - \theta_d)\eta - \beta\theta_d + \sqrt{(\xi - (1 - \theta_d)\eta - \beta\theta_d)^2 + 4\xi\eta(1 - \theta_d)}}{2\xi},$$

$$N = \frac{1}{e+f} \left(\theta_d\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \frac{\theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma M}{M + (1 - \theta_d)I^*} \right).$$

3.3 Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan

Sebelum menentukan kestabilan titik kesetimbangan, terlebih dahulu dilakukan perhitungan matriks Jacobi dari sistem persamaan (3.4). Matriks Jacobi dari sistem persamaan (3.4) adalah

$$J = \begin{pmatrix} A & B \\ B & A \end{pmatrix}$$

dengan titik kesetimbangan $(S_1, I_1, Q_1, S_2, I_2, Q_2)$ dan

$$A = \begin{pmatrix} -b - \alpha - \frac{\beta I^2}{(S+I)^2} & -\frac{\beta S^2}{(S+I)^2} + d & f \\ \frac{\beta I^2}{(S+I)^2} & -(c+d+\alpha) + \frac{\beta S^2}{(S+I)^2} & 0 \\ 0 & \theta_d\alpha & -(e+f) \end{pmatrix}$$

$$B = \begin{pmatrix} \alpha & -(1 - \theta_d)\alpha\gamma & 0 \\ 0 & (1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma & 0 \\ 0 & \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma & 0 \end{pmatrix}.$$

3.3.1 Analisis Titik kesetimbangan Bebas Penyakit

Matriks Jacobi sistem (3.4) di $E_0(S_1^0, I_1^0, Q_1^0, S_2^0, I_2^0, Q_2^0) = (\frac{a}{b}, 0, 0, \frac{a}{b}, 0, 0)$ adalah

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} A_0 & B_0 \\ B_0 & A_0 \end{pmatrix}$$

dengan

$$A_0 = \begin{pmatrix} -b - \alpha & -\beta + d & f \\ 0 & -(c + d + \alpha) + \beta & 0 \\ 0 & \theta_d \alpha & -(e + f) \end{pmatrix}$$

dan

$$B_0 = \begin{pmatrix} \alpha & -(1 - \theta_d)\alpha\gamma & 0 \\ 0 & (1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma & 0 \\ 0 & \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma & 0 \end{pmatrix}.$$

Dengan menggunakan sifat-sifat determinan, didapatkan

$$\begin{aligned} \det(J(E_0) - \lambda I) &= \det \begin{pmatrix} A_0 - \lambda I & B_0 \\ B_0 & A_0 - \lambda I \end{pmatrix} \\ &= \det \begin{pmatrix} A_0 + B_0 - \lambda I & B_0 \\ A_0 + B_0 - \lambda I & A_0 - \lambda I \end{pmatrix}, \\ &= \det \begin{pmatrix} A_0 + B_0 - \lambda I & B_0 \\ 0 & A_0 - B_0 - \lambda I \end{pmatrix}. \end{aligned}$$

Berdasarkan Teorema 2.3 diperoleh

$$\begin{aligned} \det(J(E_0) - \lambda I) &= \det \begin{pmatrix} A_0 + B_0 - \lambda I & B_0 \\ 0 & A_0 - B_0 - \lambda I \end{pmatrix} \\ &= \det(A_0 + B_0 - \lambda I) \det(A_0 - B_0 - \lambda I). \end{aligned}$$

Nilai eigen dari $J(E_0)$ dapat diketahui dengan menganalisis nilai eigen dari $A_0 + B_0$ dan $A_0 - B_0$.

$$= \begin{pmatrix} -b & -\beta + d - (1 - \theta_d)\alpha\gamma & f \\ 0 & \beta - (c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha) + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma & 0 \\ 0 & \theta_d\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma & -(e + f) \end{pmatrix}$$

Nilai eigen matriks diperoleh dari $|C_0 - \lambda I| = 0$ dengan $C_0 = A_0 + B_0$.

$$|C_0 - \lambda I| = \begin{vmatrix} -b - \lambda & -\beta + d - (1 - \theta_d)\alpha\gamma & f \\ 0 & \beta - (c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha) + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma - \lambda & 0 \\ 0 & \theta_d\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma & -(e + f) - \lambda \end{vmatrix}$$

$$|C_0 - \lambda I| = (-b - \lambda)(\beta - (c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha) + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma - \lambda)(-(e + f) - \lambda) = 0,$$

sehingga nilai eigen dari $A_0 + B_0$

$$\lambda_1 = -b,$$

$$\lambda_2 = \beta - (c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha) + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma$$

$$\lambda_3 = -(e + f).$$

Untuk matriks $A_0 + B_0$ dengan $0 \leq \theta_e, \theta_d \leq 1$, jika $\mathcal{R}_0 \leq 1$ maka $\beta - (c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha) + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma < 0$ atau $\lambda_2 < 0$. Jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka $\beta + (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha\gamma > c + d + \theta_e\alpha + (1 - \theta_e)\theta_d\alpha$ atau $\lambda_2 > 0$. Nilai eigen matriks $A_0 + B_0$ bernilai negatif atau $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3 < 0$ jika $\mathcal{R}_0 \leq 1$. Selanjutnya

$$A_0 - B_0 = \begin{pmatrix} -b - 2\alpha & -\beta + d + (1 - \theta_d)\alpha\gamma & f \\ 0 & \beta - (c + d + \alpha) - (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha(\gamma + 1) & 0 \\ 0 & \theta_d\alpha - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma & -(e + f) \end{pmatrix}$$

Nilai eigen matriks diperoleh dari $|D_0 - \lambda I| = 0$ dengan $D_0 = A_0 - B_0$.

$$|D_0 - \lambda I| = \begin{vmatrix} -b - 2\alpha - \lambda & -\beta + d + (1 - \theta_d)\alpha\gamma & f \\ 0 & \beta - (c + d + \alpha) - (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha(\gamma + 1) - \lambda & 0 \\ 0 & \theta_d\alpha - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha\gamma & -(e + f) - \lambda \end{vmatrix}$$

$$|D_0 - \lambda I| = (-b - 2\alpha - \lambda)(\beta - (c + d + \alpha) - (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha(\gamma + 1) - \lambda)(-(e + f) - \lambda) = 0$$

sehingga didapat nilai eigen dari $A_0 - B_0$

$$\lambda_4 = -b - 2\alpha,$$

$$\lambda_5 = \beta - (c + d + \alpha) - (1 - \theta_d)(1 - \theta_e)\alpha(\gamma + 1),$$

$$\lambda_6 = -(e + f)$$

Jika $\mathcal{R}_0 \leq 1$ dan $\lambda_2 < 0$ maka $\lambda_5 < 0$, sehingga dapat diperoleh $\lambda_4, \lambda_5, \lambda_6 < 0$.

Dari nilai-nilai eigen yang telah diperoleh, untuk titik kesetimbangan bebas penyakit dapat disimpulkan jika $\mathcal{R}_0 \leq 1$ maka

$\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5, \lambda_6 < 0$ sehingga E_0 stabil, jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka $\lambda_1, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_6 < 0$ dan $\lambda_2, \lambda_5 > 0$ sehingga E_0 tidak stabil.

3.3.2 Analisis Titik Kesetimbangan Endemik

Matriks Jacobi sistem persamaan (3.4) di $E_* = (S_1^*, I_1^*, Q_1^*, S_2^*, I_2^*, Q_2^*)$ adalah

$$J(E_*) = \begin{pmatrix} A_1 & B_1 \\ B_1 & A_1 \end{pmatrix}$$

dengan

$$A_1 = \begin{pmatrix} -b - \alpha - \psi_3 I^{*2} & -\psi_3 S^{*2} + d & f \\ \psi_3 I^{*2} & -(c + d + \alpha) + \psi_3 S^{*2} & 0 \\ 0 & \theta_d \alpha & -(e + f) \end{pmatrix}$$

$$B_1 = \begin{pmatrix} \alpha - \psi_1 & -\psi_2 & 0 \\ (1 - \theta_e)\psi_1 & (1 - \theta_e)(1 - \theta_d)\alpha + (1 - \theta_e)\psi_2 & 0 \\ \theta_e \psi_1 & \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \theta_e \psi_2 & 0 \end{pmatrix}$$

dimana

$$\psi_1 = \frac{(1 - \theta_d)^2 \gamma \alpha I^{*2}}{(S^* + (1 - \theta_d)I^*)^2}, \psi_2 = \frac{(1 - \theta_d) \gamma \alpha S^{*2}}{(S^* + (1 - \theta_d)I^*)^2}, \psi_3 = \frac{\beta}{(S^* + I^*)^2}$$

Dengan menggunakan sifat-sifat determinan, nilai eigen dari $J_*(E_*)$ dapat diketahui dengan menganalisis nilai eigen dari $A_1 + B_1$ dan $A_1 - B_1$.

$$= \begin{pmatrix} A_1 + B_1 & & \\ -b - \psi_3 I^{*2} - \psi_1 & d - \psi_3 S^{*2} - \psi_2 & f \\ \psi_3 I^{*2} + (1 - \theta_e)\psi_1 & \omega_1 & 0 \\ \theta_e \psi_1 & \theta_d \alpha + \theta_e(1 - \theta_d)\alpha + \theta_e \psi_2 & -(e + f) \end{pmatrix}$$

dan

$$= \begin{pmatrix} A_1 - B_1 & & \\ -b - 2\alpha - \psi_3 I^{*2} + \psi_1 & d - \psi_3 S^{*2} + \psi_2 & f \\ \psi_3 I^{*2} - (1 - \theta_e)\psi_1 & \omega_2 & 0 \\ -\theta_e \psi_1 & \theta_d \alpha - \theta_e(1 - \theta_d)\alpha - \theta_e \psi_2 & -(e + f) \end{pmatrix}$$

dengan

$$\omega_1 = -(c + d + \theta_e \alpha + (1 - \theta_e)\theta_d \alpha) + \psi_3 S^{*2} + (1 - \theta_e)\psi_2,$$

$$\omega_2 = -(c + d + \theta_e \alpha + (1 - \theta_e)\theta_d \alpha) + \psi_3 S^{*2} - (1 - \theta_e)\psi_2$$

Untuk menunjukkan bahwa $A_1 + B_1$ dan $A_1 - B_1$ memiliki nilai-nilai eigen negatif untuk $\mathcal{R}_0 > 1$ maka keduanya harus memenuhi Lemma 2.1. Perhitungan dapat dilihat pada Lampiran 3 dan 4.

Sesuai hasil perhitungan pada Lampiran 3 dan 4, terbukti jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka matriks $A_1 + B_1$ dan $A_1 - B_1$ memenuhi Lemma 2.1, sehingga semua nilai eigennya bernilai negatif. Dari nilai-nilai eigen yang telah diperoleh, untuk titik kesetimbangan endemik dapat disimpulkan jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka semua nilai eigen bernilai negatif sehingga E_* stabil.

3.4 Simulasi Numerik

Pada subbab ini disimulasikan solusi sistem (3.4). Simulasi numerik ini dibagi menjadi empat, yaitu untuk $\mathcal{R}_0 > 1$, $\mathcal{R}_0 < 1$, $\mathcal{R}_0 = 1$, dan simulasi pengaruh *exit-entry screening*. Simulasi ini menggunakan software MatLab R2010a dengan metode Runge-kutta orde empat (RK4). *Listing* program akan dijabarkan pada Lampiran 5. *Listing* program untuk simulasi pengaruh *exit-entry screening* ditampilkan pada Lampiran 6.

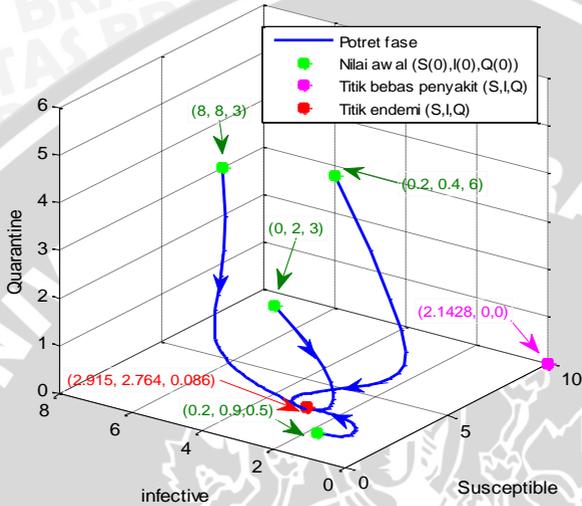
a. Simulasi numerik untuk $\mathcal{R}_0 > 1$

Untuk simulasi numerik pada kondisi $\mathcal{R}_0 > 1$, digunakan nilai parameter pada Tabel 3.1. Model disimulasikan ketika populasi awal kota pertama dan kota kedua adalah $(S_1(0), I_1(0), Q_1(0), S_2(0), I_2(0), Q_2(0)) = (0.2, 0.9, 0.5, 1, 0, 0)$, $(8, 8, 3, 9, 2, 8)$, $(0.2, 0.4, 6, 0, 2, 13)$, $(0, 2, 3, 1, 2, 0)$.

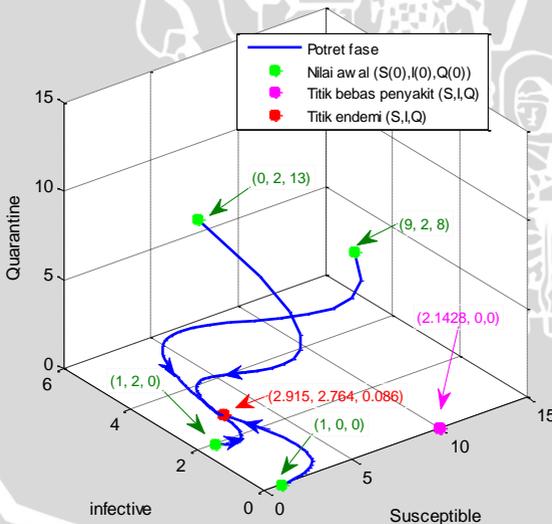
Tabel 3.1 Nilai parameter untuk simulasi model *SIQS*

Parameter	Nilai
a	2
b	0.2
c	0.5
d	0.5
e	0.4
f	1.2
β	2
θ_a	0.1
θ_e	0.3
α	0.1
γ	0.9

Dengan nilai parameter seperti pada Tabel 3.1 didapatkan nilai $\mathcal{R}_0 = 1.9833$.



(a) Potret fase wilayah pertama



(b) Potret fase wilayah kedua

Gambar 3.2 Potret fase untuk $\mathcal{R}_0 > 1$

Dari Gambar 3.2 dapat diketahui bahwa pengaruh transportasi antar-dua wilayah mengakibatkan dinamika populasi. Populasi di kedua wilayah dengan nilai awal yang berbeda akan stabil menuju titik $E_* = (2.915, 2.764, 0.086, 2.915, 2.764, 0.086)$. Jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka titik kesetimbangan endemik stabil, sedangkan titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil.

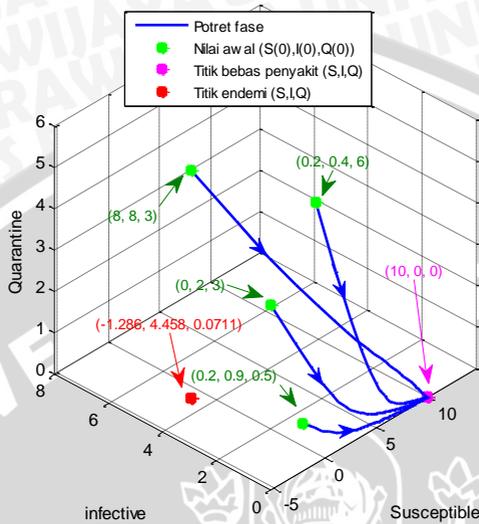
b. Simulasi numerik untuk $\mathcal{R}_0 < 1$

Syarat eksistensi dan kestabilan titik kesetimbangan bergantung pada \mathcal{R}_0 . Jika menggunakan nilai parameter yang sama, dengan mengubah nilai β atau θ_d, θ_e akan diperoleh \mathcal{R}_0 yang berbeda. Untuk simulasi numerik saat kondisi $\mathcal{R}_0 < 1$ digunakan nilai parameter pada Tabel 3.1 dengan memperkecil β menjadi 0.7. Model disimulasikan ketika populasi awal wilayah pertama dan wilayah kedua adalah $(S_1(0), I_1(0), Q_1(0), S_2(0), I_2(0), Q_2(0)) = (0.2, 0.9, 0.5, 1, 0, 0), (8, 8, 3, 9, 2, 8), (0.2, 0.4, 6, 0, 2, 13), (0, 2, 3, 1, 2, 0)$.

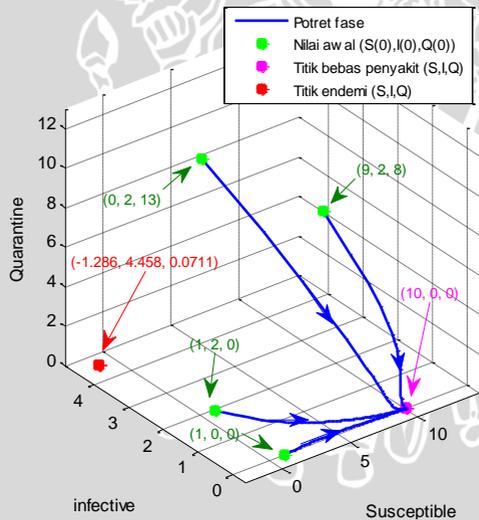
Dari nilai parameter tersebut diperoleh $\mathcal{R}_0 = 0.7297$ serta diperoleh $E_* (S_1^*, I_1^*, Q_1^*, S_2^*, I_2^*, Q_2^*) = (-1.2863, 4.4576, 0.0711, -1.2863, 4.4576, 0.0711)$. Dari titik kesetimbangan tersebut diketahui bahwa titik kesetimbangan endemik tidak eksis. Hasil simulasi numeriknya ditampilkan pada Gambar 3.3.

Pada Gambar 3.3 diketahui dengan nilai awal yang berbeda, populasi *susceptible* dari kedua kota stabil. Populasi *infective* dan *quarantine* dari kedua kota akan menurun dan akhirnya habis. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan jika $\mathcal{R}_0 < 1$ maka hanya terdapat titik kesetimbangan bebas penyakit yang stabil, sedangkan titik kesetimbangan endemiknya tidak eksis.

Pada simulasi ini, dengan mengubah $\theta_d = 0.7$ dan $\beta = 0.7$ diperoleh $\mathcal{R}_0 = 0.6663$. selanjutnya, dengan mengubah $\theta_e = 0.8$ dan $\beta = 0.7$ diperoleh $\mathcal{R}_0 = 0.6619$. Oleh karena itu, dapat dikatakan bahwa jika θ_d dan θ_e ditingkatkan, maka angka reproduksi dasar mengalami penurunan. Ini menunjukkan bahwa jika intensitas pemeriksaan masuk keluar (*exit-entry screening*) di kedua kota diperbesar maka angka reproduksi dasarnya menurun artinya penyebaran penyakit mengalami penurunan. Hasil simulasi numeriknya ditampilkan pada Gambar 3.4 dan Gambar 3.5, sehingga ketiga populasi di kedua kota stabil di titik kesetimbangan bebas penyakit, yaitu $E_0(S_1^0, I_1^0, Q_1^0, S_2^0, I_2^0, Q_2^0) = (10, 0, 0, 10, 0, 0)$.

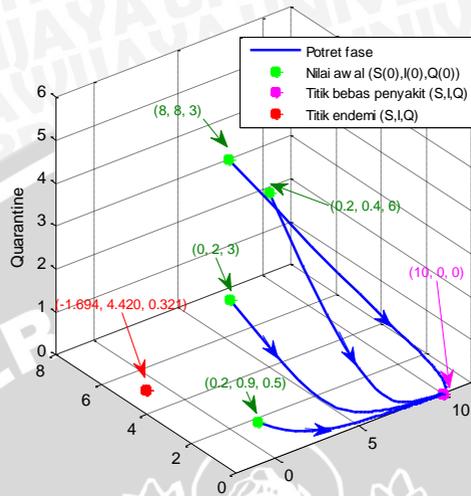


(a) Potret fase wilayah pertama



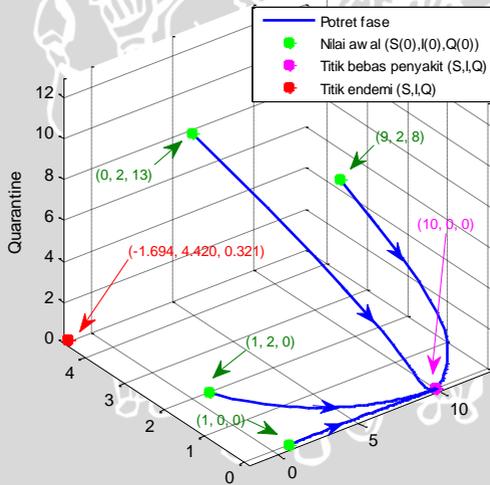
(b) Potret fase wilayah kedua

Gambar 3.3 Potret fase untuk $\mathcal{R}_0 \leq 1$ dengan memperkecil β



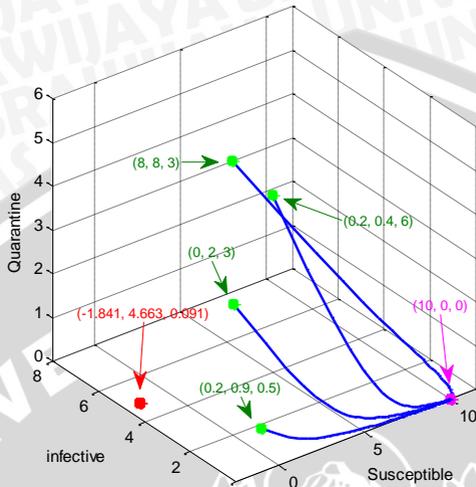
infective Susceptible

(a) Potret fase wilayah pertama

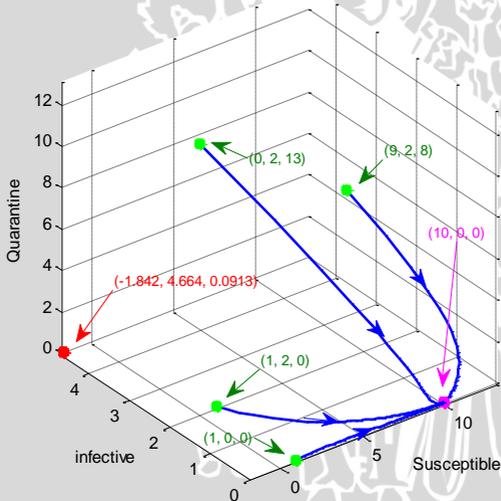


(b) Potret fase wilayah kedua

Gambar 3.4 Potret fase untuk $\mathcal{R}_0 \leq 1$ dengan memperbesar θ_d



(a) Potret fase wilayah pertama



(b) Potret fase wilayah kedua

Gambar 3.5 Potret fase untuk $\mathcal{R}_0 \leq 1$ dengan memperbesar θ_e

c. Simulasi numerik untuk $\mathcal{R}_0 = 1$

Berdasarkan nilai parameter pada Tabel 3.1, dengan memperkecil nilai β menjadi 0.9803. Model disimulasikan ketika

populasi awal adalah $(S_1(0), I_1(0), Q_1(0), S_2(0), I_2(0), Q_2(0)) = (0.2, 0.9, 0.5, 1, 0, 0), (8, 8, 3, 9, 2, 8), (0.2, 0.4, 6, 0, 2, 13), (0, 2, 3, 1, 2, 0)$.

Dari nilai parameter tersebut didapatkan $\mathcal{R}_0 = 1$ dan hasil simulasi numeriknya ditunjukkan pada Gambar 3.3. Dari gambar tersebut terlihat hanya terdapat satu titik kesetimbangan yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (10, 0, 0, 10, 0, 0)$. Dengan empat nilai awal yang berbeda, populasi di kedua wilayah akan stabil menuju $S = 10, I = 0$, dan $Q = 0$. Jika $\mathcal{R}_0 = 1$ maka hanya terdapat titik kesetimbangan bebas penyakit yang stabil.

d. Simulasi pengaruh *exit-entry screening*

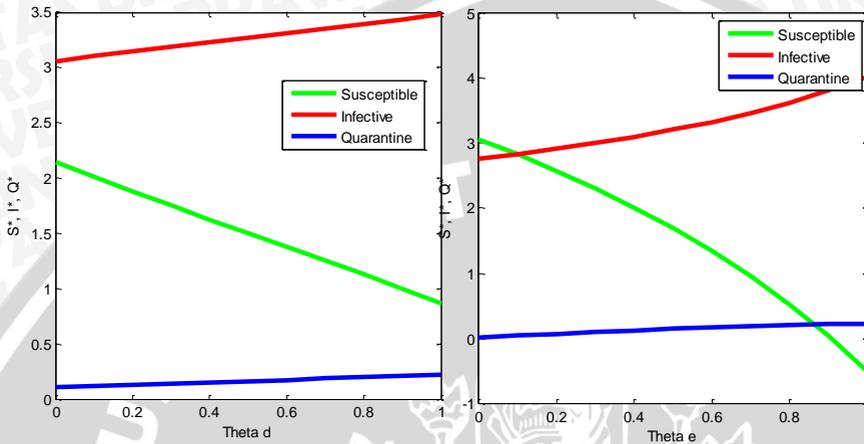
Pada simulasi ini digunakan nilai parameter pada Tabel 3.2 dengan nilai θ_d, θ_e berubah dari 0 menuju 1. Dari Gambar 3.6 menunjukkan bahwa populasi individu *infective* dan *quarantine* semakin bertambah, tetapi populasi *susceptible* semakin berkurang. Jika intensitas pemeriksaan keluar masuk di kedua wilayah ditingkatkan maka semakin banyak individu *infective* yang terdeteksi. Apabila individu *infective* yang terdeteksi semakin meningkat maka individu yang dikarantina juga menjadi meningkat.

Tabel 3.2 Nilai parameter untuk simulasi *exit-entry screening*

Parameter	Nilai
a	2
b	0.2
c	0.5
d	0.5
e	0.4
f	1.2
α	0.1
β	2
γ	0.9

Gambar 3.6 terdiri dari dua grafik, yaitu grafik perubahan dari nilai θ_d dan θ_e . Pada saat nilai θ_d dan θ_e berubah dari 0 menuju 1, terlihat bahwa jumlah dari populasi *susceptible* menurun sedangkan populasi *infective* dan *quarantine* meningkat. Populasi *susceptible* menurun disebabkan banyaknya individu *susceptible* yang mengalami infeksi oleh individu *infective* sehingga jumlah populasi *infective* mengalami peningkatan. Setelah melalui proses pemeriksaan keluar dan masuk, banyak individu *infective* yang

terdeteksi penyakit kemudian diisolasi di tempat khusus dan menjadi individu *quarantine*.



Gambar 3.6 Grafik pengaruh perubahan θ_d, θ_e terhadap populasi

Pada perubahan nilai θ_d , jumlah populasi *infective* meningkat lebih banyak dibandingkan dengan populasi *infective* pada perubahan nilai θ_e . Hal ini disebabkan karena antara jumlah individu *infective* pada pemeriksaan keluar dan pemeriksaan masuk berbeda. Individu *infective* pada pemeriksaan keluar lebih banyak dibandingkan pada pemeriksaan masuk. Individu *infective* pada pemeriksaan masuk berasal dari individu *infective* yang lolos pemeriksaan keluar sehingga jumlahnya lebih sedikit.

Populasi *quarantine* pada perubahan nilai θ_d menurun lebih banyak dibandingkan perubahan pada nilai θ_e . Oleh karena itu, proses pemeriksaan yang lebih efektif untuk mengurangi penyebaran penyakit adalah pemeriksaan keluar. Pemeriksaan keluar merupakan proses awal dalam pemeriksaan penyakit sehingga individu *infective* akan banyak terdeteksi pada tahap ini.