 ISBN **: 978-979-16353-8-7**

T-8

MENGKONSTRUKSI MODEL DISTRIBUSI KONTAK PADA TRANSMISI PENYEBARAN VIRUS PADA 2 LOKASI DENGAN STRAIN YANG BERBEDA

Hariyanto[1], Basuki Widodo[2], I.Nyoman Budiantara[3], C.A.Nidom[4].

[1]Mathematics Departement of ITS and Doctorte Student in Airlangga University,

[2] Mathematics Departement in ITS,[3] Statistics Departement in ITS,

[4] Airlangga University.

[1]hariyanto_its@yahoo.co.id,[2]b_widodo@matematika.its.ac.id

ABSTRAK

Transmisi penyebaran penyakit pada multi-lokasi dapat terjadi karena mobilitas individual yang bergerak dinamis pada lokasi yang sama maupun pada lokasi yang berbeda (antar lokasi) dan transmisi penyakit dapat terjadi karena kontak individual pada masing-masing lokasi, Konstnstantin B.Blyyuss,2005 telah mengembangkan model transmisi penyebaran penyakit pada 2 lokasi dengan strain yang sama dan lebih menekankan pada model distribusi terinfeksi dengan fungsi transmisi linear sebagai bentuk penyebaran penyakit.

Pada makalah ini mengembangkan model penyebaran penyakit pada 2 lokasi dengan strain yang berbeda pada setiap lokasi, penyebaran pada setiap lokasi maupun antar lokasi dikonstruksi dalam bentuk model distribusi kontak dan analisa model dilakukan berkaitan dengan perubahan subpopulasi yang atrack terhadap sistem yang kompak terbatas dan disipasif, persistensi dari virus terhadap bilangan reproduksi dasar..

Kata Kunci : Pemodelan Epidemik, Model Spasial, Bilangan reproduksi dasar, Persistensi.

PENDAHULUAN

Latarbelakang.

Pemodelan matematika dari penyebaran virus multistrain multi species dibangun oleh B. J. Caburn dkk,2011 pada satu lokasi, model berbentuk sistem persamaan differensial biasa dengan mengamati penyebaran virus pada babi diharapkan dapat berperan sebagai tempat terjadinya koalisi dari virus H1N1dan H5N1, demikian pula yang dilakukan oleh J. M. Hyman dkk,2004 telah membangun model penyebaran geografik dari virus H1N1 untuk 59 kota diseluruh dunia dengan hongkong sebagai pusat penyebaran, analisa yang dilakukan dapat diketahui bahwa penyebaran virus di kota-kota lainnya berkorelasi terhadap pusat penyebaran.

K.B. Blyuss dkk,2005 dalam penelitiannya menunjukkan bahwa pergerakan individual dianggap sebagai partikel yang bergerak bebas,model dibangun berdasarkan individual yang bergerak didalam lokasi maupun antar lokasi, model yang diperoleh berbentuk sistem persamaan integro differensial parsial, S. Ruan dkk,2006 mengembangkan model yang dibuat oleh K.B. Blyuss dkk dengan membagi bentuk model dalam 2 bagian yaitu model distribusi kontak dan model distribusi terinfeksi.

Berdasarkan pada kenyataan bahwa penyebaran virus dapat terjadi pada lokasi yang berbeda dengan strain yang berbeda, misalnya penyebaran virus influenza avian H5N1 secara global yang terjadi di Indonesia berpotensi terjadinya koalisi dengan virus manusia, beberapa penelitian di laboratorium telah dilakukan antara lain koalisi antara H5N1 unggas A/Chicken/South Kalimantan/UT6028/06(SK06 H5N1) dan H3N2 A/Tokyo/UT-SK-1/Tok07.H3N2 menghasilkan virus dengan patogen tinggi(C.A.Nidom,2012).

Rumusan masalah

1. Bagaimana melakukan pengamatan terhadap penyebaran berbagai virus yang terjadi pada wilayah yang lebih luas sehingga terjadi koalisi pada beberapa lokasi jika wilayah dibagi dalam lokasi-lokasi ?.
2. Bagaimana mengetahui reproduksi dasar terhadap virus-virus tersebut pada penyebaran lokal maupun global serta keterkaitannya dengan persistensi virus terhadap sistem?

Tujuan dan Manfaat.

Tujuan dari kajian ini adalah:

1. Membangun Model Matematika dari penyebaran virus-virus yang berada pada 2 lokasi yang berbeda sebagai suatu model sistem distribusi kontak yang terdiri dari subsistem-subsistem.
2. Melakukan analisis terhadap persistensi masing-masing model subsistem dari model sistem dan keterkaitannya dengan bilangan reproduksi dasar.

Manfaat yang dapat diperoleh dari kajian ini adalah:

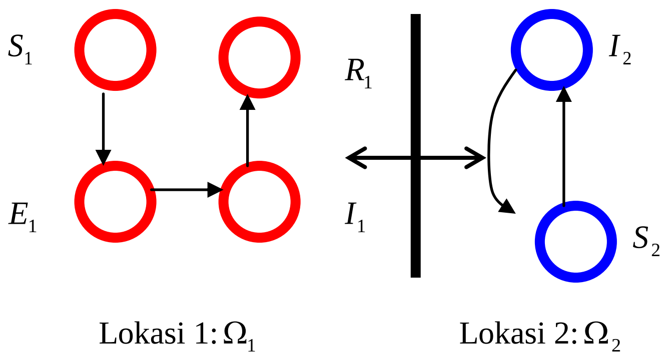
1. Dapat memberikan informasi lebih awal melalui kajian berbentuk analisis pada Model Matematika yang dibangun terhadap peluang terjadinya koalisi.
2. Reproduksi dasar atau Reproduksi efektif pada penelitian ini berbentuk besaran yang diukur berdasarkan pada transmisi virus untuk yang kedua dan berkorelasi

sangat signifikan terhadap phatogenitas atau *virulence* dari virus, analisis yang dilakukan dapat memberikan informasi dalam pengambilan kebijakan terhadap kesehatan masyarakat.

PEMBAHASAN

Pembahasan pada makalah ini dibagi dalam 2 tahap yaitu mengkonstruksi model matematika berdasarkan model kompartemen pada gambar 1 dan melakukan analisa terhadap model.

Mengkonstruksi Model Matematika.



Ganbar 1: Transmisi penyebaran virus pada 2 lokasi

Populasi berada dalam 2 lokasi yaitu lokasi Ω_1 dengan ukuran L_1 dan lokasi Ω_2 dengan ukuran L_2 dan masing-masing lokasi populasi dibagi dalam subpopulasi-subpopulasi antara lain Susceptible,Ekspose, Terinfeksi dan Recovered pada lokasi 1 dengan densitas spasial $S_1(x,t), E_1(x,t), I_1(x,t)$ dan $R(x,t)$ serta Susceptible,Terinfeksi pada lokasi 2 dengan densitas spasial $S_1(x,t), I_1(x,t).$ seperti pada gambar 1.

Diasumsikan bahwa transmisi virus terjadi setelah terjadinya kontak dengan individual terinfeksi dan pergerakan spasial didalam lokasi dapat dilakukan oleh setiap individual pada subpopulasi sedangkan pergerakan diantara lokasi hanya dilakukan oleh individual subpopulasi Susceptible dan Ekspose. Parameter yang digunakan dalam bentuk konstan antara lain :

α : rate transmisi untuk virus dengan strain2 pada lokasi 2

β : rate transmisi untuk virus dengan strain1 pada lokasi 1

μ : lama waktu terjadinya Ekspose atau periode Ekspose.

ρ : lama waktu terjadinya infeksi setelah dilakukan treatmen atau periode infeksi.

Model Sistem Distribusi Kontak penyebaran virus pada 2 lokasi dengan strain berbeda dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$\frac{\partial S_1}{\partial t} = -\beta S_1 \int_{\Omega_1} K(y-x) I_1(x,t)dx - \alpha I_2 \int_{\Omega_1} K(y-x) S_1(x,t)dx$$

$$\frac{\partial E_1}{\partial t} = \beta S_1 \int_{\Omega_1} K(y-x) I_1(x,t)dx + \beta I_1 \int_{\Omega_2} K(x-y) S_2(y,t)dy -$$

$$\alpha I_2 \int_{\Omega_1} K(y-x) E_1(x,t)dx - \mu E_1$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial t} = \mu E_1 - \rho I_1$$

$$\frac{\partial R_1}{\partial t} = \rho I_1$$

$$\frac{\partial S_2}{\partial t} = -\alpha S_2 \int_{\Omega_2} K(x-y) I_2(y,t)dy - \beta I_1 \int_{\Omega_1} K(x-y) S_2(y,t)dy + \delta I_2$$

$$\frac{\partial I_2}{\partial t} = \alpha S_2 \int_{\Omega_2} K(y-x) I_2(y,t)dy + \alpha I_2 \int_{\Omega_1} K(y-x) S_1(x,t)dx + \alpha I_2 \int_{\Omega_1} K(y-x) E_1(x,t)dx -$$

$$\delta I_2$$

Dengan syarat awal

$$S_1(x,0) = S_{10} = \sigma, I_1(x,0) = I_{10},\ E_1(x,0) = E_{10},\ R_1(x,0) = R_{10}$$

$$S_2(x,0) = S_{20} = \sigma, I_2(x,0) = I_{20},,$$

Syarat batas

$$\frac{\partial S_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_1}{\partial x}(L) = 0,\ \frac{\partial E_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_1}{\partial x}(L) = 0,$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_1}{\partial x}(L) = 0,\ \frac{\partial R_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial R_1}{\partial x}(L) = 0,$$

$$\frac{\partial S_2}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_2}{\partial x}(L) = 0,\ \frac{\partial I_2}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_2}{\partial x}(L) = 0,$$

Total populasi pada lokasi 1: $N_1(t) = S_1(t) + E_1(t) + I_1(t) + R_1(t)$

Total populasi pada lokasi2: $N_2(t) = S_2(t) + I_2(t)$

Analisa Model.

Perhatikan bentuk $\int_{\Omega} K(y-x)I_1(x,t)dx$ menunjukkan populasi terinfeksi yang bergerak dari posisi x menuju y sehingga terdapat 2 kemungkinan individual $I_1(x,t)$ bergerak untuk melakukan kontak yaitu bergerak pada lokasi 1 atau bergerak melakukan kontak dengan populasi pada lokasi 2,jika Ω_1 dan Ω_2 merupakan domain terbatas maka pergerakan subpopulasi secara lokal maupun diantara lokasi bergantung pada status dari masing-masing subpopulasi, misalkan fungsi densitas Kernel dinyatakan sebagai fungsi Laplace $K(x,t) = e^{-\alpha x}$ dan $I_1(x,t)$ bergerak pada lokasi 1 maka

$$\int_{\Omega} K(y-x)I_1(x,t)dx = \int_{\Omega_1} e^{-\alpha x} I_1(x,t)dx = -\frac{1}{\alpha}\{e^{-\alpha x} I_1(x,t)\Big|_0^{L_1} - \int_{\Omega_1} e^{-\alpha x}\frac{\partial I_1(x,t)}{\partial t}dx$$

$$\int_{\Omega} K(y-x)I_1(x,t)dx = -\frac{1}{\alpha}\{e^{-\alpha x} I_1(x,t)\Big|_0^{L_1} = -\frac{1}{\alpha}\{e^{-\alpha L_1} I_1(L_1,t) - I_1(0,t)\},$$

diperoleh $e^{-\alpha L_1} I_1(L_1,t) - I_1(0,t) < 0 \Rightarrow$ $e^{-\alpha L_1} < \dfrac{I_1(0,t)}{I_1(L_1,t)}$, $I_1(L_1,t) > I_1(0,t)$ $\forall t \in [0,\infty)$

misalkan $\dfrac{I_1(0,t)}{I_1(L_1,t)} = k$ bilangan pecah rasional maka $e^{-\alpha L_1} < k$ yang berarti fungsi densitas Kernel sebagai fungsi bobot dari pergerakan lokasi maupun antar lokasi dapat dinyatakan dalam bentuk proporsional yang mempunyai nilai diantara $0 < K(x,t) < 1$ $\forall x \in \Omega$ dan $\forall t \in [0,\infty)$

Asumsi.

1. $\int_{\Omega} K(x,t)dx = 1$
2. $\int_{\Omega_1} K(x-y)I_1(y,t)dy = \varepsilon_1 I_1(x,t),\ \forall x,y \in \Omega_1$ dan $0 < \varepsilon_1 < 1$ menyatakan pergerakan lokal, khusus untuk pergerakan antar lokasi dari individual $I_1(x,t)$ tidak dilakukan dan hal tersebut berlaku juga pada lokasi 2.

3. $\int\limits_{\Omega_2} K(x-y)S_2(y,t)dy = \varepsilon_2 S_1(x,t),$ yaitu pergerakan antar lokasi $S_2(y,t)$ dari posisi $y \in \Omega_2$ menuju $x \in \Omega_1$ maka individual $S_2(y,t)$ akan menjadi bagian $S_1(x,t)$ pada lokasi 1.

Demikian pula untuk $\int\limits_{\Omega_1} K(x-y)E_1(y,t)dy = \varepsilon_1 G(x,t)$ yaitu pergerakan antar lokasi $E_1(y,t)$ dari posisi $y \in \Omega_1$ menuju $x \in \Omega_2$ maka individual $E_1(y,t)$ akan berada pada lokasi 2.yang hanya melakukan kontak dengan individual terinfeksi pada lokasi 2.

Dengan demikian model system dapat direduksi menjadi

$$\frac{\partial S_1}{\partial t} = -\beta S_1 \varepsilon_1 I_1 - \alpha I_2 \varepsilon_2 S_2$$

$$\frac{\partial E_1}{\partial t} = \beta S_1 \varepsilon_1 I_1 + \beta I_1 \varepsilon_2 S_1 - \alpha I_2 \varepsilon_2 G - \mu E_1$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial t} = \mu E_1 - \rho I_1$$

$$\frac{\partial R_1}{\partial t} = \rho I_1$$

$$\frac{\partial S_2}{\partial t} = -\alpha S_2 \varepsilon_1 I_2 - \beta I_1 \varepsilon_2 S_1 + \delta I_2$$

$$\frac{\partial I_2}{\partial t} = \alpha S_2 \varepsilon_1 I_2 + \alpha I_2 \varepsilon_2 S_2 + \alpha I_2 \varepsilon_2 G - \delta I_2$$

Dengan syarat awal

$$S_1(x,0) = S_{10} = \sigma\,,\, I_1(x,0) = I_{10},\; E_1(x,0) = E_{10},\; R_1(x,0) = R_{10}$$

$$S_2(x,0) = S_{20} = \sigma\,,\, I_2(x,0) = I_{20}.$$

Syarat batas

$$\frac{\partial S_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_1}{\partial x}(L) = 0,\; \frac{\partial E_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_1}{\partial x}(L) = 0,$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_1}{\partial x}(L) = 0,\; \frac{\partial R_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial R_1}{\partial x}(L) = 0,$$

$$\frac{\partial S_2}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_2}{\partial x}(L) = 0,\; \frac{\partial I_2}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_2}{\partial x}(L) = 0,$$

$$N_1(t) = S_1(t) + E_1(t) + I_1(t) + R_1(t)$$

$N_2(t) = S_2(t) + I_2(t)$

Perhatikan $N_1(t) = S_1(t) + E_1(t) + I_1(t) + R_1(t) \rightarrow \frac{dN_1}{dt} = \frac{dS_1}{dt} + \frac{dE_1}{dt} + \frac{dI_1}{dt} + \frac{dR_1}{dt}$ atau

$$\frac{dN_1}{dt} = \int_{\Omega_1} \frac{\partial S_1(x,t)}{\partial t} dx + \int_{\Omega_1} \frac{\partial E_1}{\partial t} dx + \int_{\Omega_1} \frac{\partial I_1}{\partial t} dx + \int_{\Omega_1} \frac{\partial R_1}{\partial t} dx \rightarrow$$

$$\frac{dN_1}{dt} = \int_{\Omega_1} \left(\frac{\partial S_1(x,t)}{\partial t} + \frac{\partial E_1(x,t)}{\partial t} + \frac{\partial I_1(x,t)}{\partial t} + \frac{\partial R_1(x,t)}{\partial t}\right) dx$$

$$\frac{dN_1}{dt} = \int_{\Omega_1} \{\beta I_1 \varepsilon_2 S_1 - \alpha(I_2 \varepsilon_2 S_2 + I_2 \varepsilon_2 G)\} dx \text{ maka}$$

$$\lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le \lim_{t\to\infty} \int_{\Omega 1} \{\beta I_1 \int_{\Omega 2} K(x-y) S_2(y,t) dy\} dx$$

$$\lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le \int_{\Omega 1} \{\lim_{t\to\infty} \beta I_1 \int_{\Omega 2} K(x-y) S_2(y,t) dy\} dx \text{ atau}$$

$$\lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le \int_{\Omega 1} \lim_{t\to\infty} I_1 dx \rightarrow \lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le \int_{\Omega 1} (E_1^\infty - \lambda I_1^\infty) dx$$

Jika didefinisikan $E_1 = 1 - S_1 = 1 - Exp(-\frac{1}{\lambda} \int_{\Omega 1} K(x-y) R_1 dy), \lambda = \frac{\rho}{\beta \mu \sigma}$ dan terdapat bilangan $\varepsilon > 0$ sedemikian hingga $\lim_{t\to\infty} E_1 < 1 - M\varepsilon$ dan $\lim_{t\to\infty} I_1 > \varepsilon$ maka

$$\lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le \int_{\Omega 1} (1 - M\varepsilon - \lambda\varepsilon) dx \text{ atau } \lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le L_1\{1 - \varepsilon(M + \lambda)\}$$

Yang berarti bahwa $\lim_{t\to\infty} Sup\left(\frac{dN_1}{dt}\right) \le L_1$. Jadi dapat diperoleh bahwa subsistem dari lokasi 1 atracks terhadap himpunan kompak terbatas S_1, E_1, I_1, R_1.Demikian pula dapat ditunjukkan bahwa subsistem pada lokasi 2 atrack terhadap himpunan kompak terbatas S_2, I_2.

Dari penjelasan tersebut diatas maka dapat disusun theorema sebagai berikut :

Theorema1.

Jika (S_1, E_1, I_1, R_1) merupakan penyelesaian dari sistem persamaan distribusi kontak pada lokasi 1 dan terdapat bilangan $\varepsilon > 0$ sedemikian hingga $\lim_{t\to\infty} E_1 < 1 - M\varepsilon$ dan

$\underset{t\to\infty}{Lim}\, I_1 > \varepsilon$ maka subsistem dari lokasi 1 atracks terhadap himpunan kompak terbatas S_1, E_1, I_1, R_1.

Untuk pembahasan berikutnya akan ditunjukkan bahwa masing-masing virus pada lokasi 1 maupun 2 persisten terhadap sistem, perhatikan definisi berikut ini

Dianggap bahwa pergerakan dari individual pada subpopulasi pada masing-masing lokasi berbentuk semiflow maka dapat didefinisikan

Definisi 1(Horst R.Thieme,2005).

Virus dikatakan sangat persisten secara seragam jika terdapat $\varepsilon > 0$ sedemikian hingga $\underset{t\to\infty}{Lim}\, Inf\,(I_1(x,t) \geq \varepsilon$ untuk semua penyelesaian dari sistem persamaan distribusi kontak dengan $I_1(x,0) > 0$.

Definisi 1((Horst R.Thieme,2005).

Virus dikatakan kurang persisten secara seragam jika terdapat $\varepsilon > 0$ sedemikian hingga $\underset{t\to\infty}{Lim}\, Sup(I_1(x,t) \geq \varepsilon$ untuk semua penyelesaian dari sistem persamaan distribusi kontak dengan $I_1(x,0) > 0$.

Jika perubahan pada setiap subpopulasi pada model hanya memperhatikan terjadinya transmisi virus sebagai akibat dari kontak individual tanpa memperhatikan pergerakan individual pada lokasi maupun diantara lokasi maka model sistem distribusi kontak dapat direduksi menjadi model distribusi kontak pada lokasi 1terreduksi berbentuk

$$\frac{\partial S_1}{\partial t} = -\beta S_1 \varepsilon_1 I_1$$

$$\frac{\partial E_1}{\partial t} = \beta S_1 \varepsilon_1 I_1 + \beta I_1 \varepsilon_2 S_1 - \mu E_1$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial t} = \mu E_1 - \rho I_1$$

$$\frac{\partial R_1}{\partial t} = \rho I_1$$

dengan syarat awal

$$S_1(x,0) = S_{10} = \sigma,\ I_1(x,0) = I_{10},\ E_1(x,0) = E_{10},\ R_1(x,0) = R_{10}$$

Syarat batas

$$\frac{\partial S_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_1}{\partial x}(L) = 0,\ \frac{\partial E_1}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_1}{\partial x}(L) = 0,$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial x}(0)=\frac{\partial I_1}{\partial x}(L)=0,\ \frac{\partial R_1}{\partial x}(0)=\frac{\partial R_1}{\partial x}(L)=0,\ N_1(t)=S_1(t)+E_1(t)+I_1(t)+R_1(t)$$

Bilangan reproduksi dasar $R_0=\frac{\beta\mu}{\rho}$ maka dapat dikonstruksi $\lambda=\frac{\rho}{\beta\mu\sigma}$ sedemikian rupa sehingga model dapat direduksi menjadi

$$\frac{\partial S_1}{\partial t}=-S_1\varepsilon_1 I_1$$

$$\frac{\partial E_1}{\partial t}=S_1\varepsilon_1 I_1+I_1\varepsilon_2 S_1-E_1$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial t}=E_1-\lambda I_1$$

$$\frac{\partial R_1}{\partial t}=\lambda I_1$$

Dengan syarat awal

$$S_1(x,0)=S_{10}=1,\ I_1(x,0)=I_{10},\ E_1(x,0)=E_{10},\ R_1(x,0)=R_{10}$$

Syarat batas

$$\frac{\partial S_1}{\partial x}(0)=\frac{\partial S_1}{\partial x}(L)=0,\ \frac{\partial E_1}{\partial x}(0)=\frac{\partial E_1}{\partial x}(L)=0,$$

$$\frac{\partial I_1}{\partial x}(0)=\frac{\partial I_1}{\partial x}(L)=0,\ \frac{\partial R_1}{\partial x}(0)=\frac{\partial R_1}{\partial x}(L)=0,$$

$$1=S_1(t)+E_1(x,t)+I_1(x,t)+R_1(x,t)$$

Jika (S_1,E_1,I_1,R_1) merupakan penyelesaian dari model tersebut diatas maka dapat dikonstruksi secara epidemiologi bahwa subpopulasi terinfeksi terjadi karena :

1. Perubahan individual pada subpopulasi ekspose yang melampaui batas masa latent (periode perubahan ekspose menjadi terinfeksi).
2. Perubahan individual pada subpopulasi terinfeksi berubah menjadi subpopulasi recovered karena adanya treatment (recovered dikonstruksi tetap).

Dengan demikian subpopulasi –subpopulasi pada sistem dapat dinyatakan dalam bentuk

$$S_1(x,t)=Exp\left(-\frac{1}{\lambda}\int_{\Omega 1}K(x-y)R_1(y,t)dy\right)$$

$$E_1(x,t)=1-S_1(x,t)$$

 ISBN : 978-979-16353-8-7

$I_1(x,t) = -R_1(x,t) + I(x,0) + E_!(x,t)$ dan subpopulasi tersebut berlaku jika memenuhi persamaan $\frac{\partial R_1}{\partial t} = \lambda I_1$.

Dari pembahasan tersebut diatas dapat disusun theorema sebagai berikut

Theorema2.

Jika $R_0 > 1$ maka virus pada lokasi 1 kurang persisten secara seragam terhadap sistem.

Bukti.

Akan ditunjukkan bahwa virus pada lokasi1 kurang persisten terhadap sistem, misalkan vurus tersebut tidak persisten maka $\underset{t\to\infty}{Lim}\, I_1(x,t) < \varepsilon$ untuk bilangan $\varepsilon > 0$

$R_1(x,t) = 1 - (I_1(x,t) + E_1(x,t) + S_1(x,t)) \to$

$\underset{t\to\infty}{Lim}\, R_1(x,t) < 1 - \underset{t\to\infty}{Lim}(I_1(x,t) + E_1(x,t) + S_1(x,t))$ atau $R_1^\infty(x,t) < 1 - M\varepsilon$

$E_1(x,t) = 1 - S_1(x,t)$ atau $E_1^\infty(x,t) < 1 - Exp(-\frac{1}{\lambda}\varepsilon_1 R_1^\infty(x,t)) \to$

$E_1^\infty(x,t) < 1 - Exp(-\frac{\varepsilon_1(1-M\varepsilon)}{\lambda})$, $\underset{t\to\infty}{Lim}\, I_1(x,t) < -R_1^\infty(x,t) + I_1^\infty(x,0) + E_1^\infty(x,t) \to$

$\underset{t\to\infty}{Lim}\, I_1(x,t) < M\varepsilon - 1 + I_1(x,0) + 1 - Exp(-\frac{\varepsilon_1(1-M\varepsilon)}{\lambda})$

Dari persamaan 4 pada model diperoleh

$\underset{t\to\infty}{Lim}\, Inf\,(\frac{\partial R_1}{\partial t}) = \lambda\, \underset{t\to\infty}{Lim}\, Inf\,(I_1) \geq \lambda I_1^\infty$ atau $\lambda\, \underset{t\to\infty}{Lim}\, Inf\,(I_1) \geq M\varepsilon + I_1(x,0) \to$

$\underset{t\to\infty}{Lim}\, Inf\,(I_1) \geq \frac{1}{\lambda}(M\varepsilon + I_1(x,0)) = \sigma R_0(M\varepsilon + I_1(x,0))$ sehingga dapat diperoleh bahwa untuk $R_0 > 1$ ternyata $I_1(x,t) \to \infty$ untuk $t \to \infty$, pada hal $\underset{t\to\infty}{Lim}\, I_1(x,t) < \varepsilon$

Kontradiksi sehingga untuk $R_0 > 1$ virus pada lokasi 1 kurang persisten terhadap sistem.

Perhatikan model distribusi kontak pada lokasi2 terreduksi,

$$\frac{\partial S_2}{\partial t} = -\alpha S_2 \varepsilon_1 I_2 + \delta I_2$$

$$\frac{\partial I_2}{\partial t} = \alpha S_2 \varepsilon_1 I_2 + \alpha I_2 \varepsilon_2 S_2 + \alpha I_2 \varepsilon_2 G - \delta I_2$$

Dengan syarat awal

$S_2(x,0) = S_{20} = \sigma$, $I_2(x,0) = I_{20}$.

Syarat batas

$$\frac{\partial S_2}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_2}{\partial x}(L) = 0,\ \frac{\partial I_2}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_2}{\partial x}(L) = 0,$$

$$1 = S_2(x,t) + I_2(x,t)$$

Pada model tersebut berlaku theorema beikut ini.

Theorema3.

Jika $R_0 > 1$ maka virus pada lokasi 2 kurang persisten secara seragam terhadap sistem.

Bukti.

Untuk menunjukkan bahwa virus pada lokasi 2 kurang persisten terhadap sistem dimisalkan virus tidak persisten sehingga $I_2^\infty < \varepsilon.$

Dari persamaan 1 diperoleh $\underset{t\to\infty}{Lim}\, S_2(x,t) \le \frac{\delta}{\alpha} \underset{t\to\infty}{Lim}\, I_1(x,t)$ atau $S_2^\infty(x,t) \le \frac{\delta}{\alpha} I_2^\infty(x,t)$

Dari persamaan 2 diperoleh $\underset{t\to\infty}{Lim\,Inf}\,(\frac{\partial I_2}{\partial t}) > \alpha I_2^\infty - \delta I_2^\infty$ atau $\underset{t\to\infty}{Lim\,Inf}\, \frac{\frac{\partial I_2}{\partial t}}{I_2^\infty} > (\alpha - \delta),$ jika

$R_0 = \frac{\alpha}{\delta}$ maka $\underset{t\to\infty}{Lim\,Inf}\, \frac{\frac{\partial I_2}{\partial t}}{I_2^\infty} > \delta(R_0 - 1),$ artinya untuk $t \to \infty$ diperoleh $I_2^\infty \to \infty$ dan

kontradiksi bahwa $I_2^\infty < \varepsilon.$. Jadi untuk $R_0 > 1$ virus pada lokasi 2 kurang persisten terhadap sistem.

KESIMPULAN.

Dari kajian tersebut dapat disimpulkan bahwa penyebaran dari virus-virus pada lokasi local maupun global tidak berpotensi terjadinya pendemik.

DAFTAR PUSTAKA

J. M. Hyman, T. LaForce.2004. *Modelling The spread of Influenza Among Cities.* in Computational and Applied Mathematics Program. (Center for Nonlinear Studies, Los Alamos National Laboratory).Los Alamos Report. p. 215-240.

K.B. Blyuss.2005. *On a model of spatial spread of epidemics with long - distance travel*. Physics Letters *A* **345**. p. 129-136.

S. Ruan.2006. *Spatial Temporal Dynamics in nonlocal Epidemiogical Models*. Miami University Press 2006.

B. J. Caburn, C. Cosner, S. Ruan.2011. *Emergence and dynamics of influenza super Strains*. BMC Journal **11.** p.1-10.

C.A.Nidom.2012. *Berperang Melawan Flu Burung*, Kompas.Com.