

Penyelesaian Positif Model Penyebaran Virus Ebola antar Dua Wilayah

Awawin Mustana Rohmah

Jl. Airlangga No. 3 Sukodadi Lamongan Jawa Timur
e-mail: awawin.emer@gmail.com

Dinita Rahmalia

Jl. Airlangga No. 3 Sukodadi Lamongan Jawa Timur
e-mail: dinitarahmalia@unisda.ac.id

Abstract: *A Model describing the epidemic spread of the Ebola virus disease in region 1 and region 2 can be formed in a mathematical model, one of which is the SEIR endemic model. To form a mathematical model it is necessary to know the phenomenon of the spread of the Ebola virus, namely the large number of infected populations in an area which is not only caused by infected individuals in one area but can be caused by individuals traveling from one region to another. In this case, the SEIR model is analyzed for existence and uniqueness. Before doing the Analyze, the SEIR model was simplified. Then Lipschitz was determined, so that an analysis of existence and uniqueness could be carried out. This shows that the SEIR model has a unique solution. Furthermore, a positive solution is determined in the model, to show that the SEIR model has a continuous and dynamic flow. Based on these results, it was found that the SEIR model in the spread of the Ebola virus had dynamic and a continuous flow.*

Keywords: *Analysis of Existence and Uniqueness, Dynamic and a continuous Flow, Lipschitz, SEIR model*

Abstrak: *Model epidemik yang menggambarkan penyebaran penyakit virus Ebola di wilayah 1 dan wilayah 2 dapat dibentuk dalam model matematika yang salah satunya adalah model endemik SEIR. Untuk membentuk model matematika perlu diketahui adanya fenomena penyebaran virus Ebola yaitu banyaknya populasi terinfeksi dalam suatu wilayah yang tidak hanya disebabkan oleh individu terinfeksi pada satu wilayah akan tetapi dapat disebabkan oleh individu yang melakukan perjalanan dari wilayah ke wilayah lain. Dalam hal ini, model SEIR dilakukan analisa eksistensi dan ketunggalan. Sebelum dilakukan Analisa, dilakukan penyederhanaan model SEIR. Kemudian ditentukan lipschitz, sehingga dapat dilakukan analisa eksistensi dan ketunggalan. Hal ini menunjukkan bahwa model SEIR mempunyai penyelesaian dan tunggal. Selanjutnya ditentukan penyelesaian positif pada Model tersebut, untuk menunjukkan bahwa model SEIR memiliki aliran kontinu dan dinamis. Berdasarkan hasil tersebut diperoleh bahwa model SEIR dalam penyebaran virus Ebola memiliki penyelesaian dan tunggal serta aliran kontinu.*

Kata Kunci: *Analisa Eksistensi dan Ketunggalan, Aliran Dinamis dan Kontinu Lipschitz, Model SEIR*

1. Pendahuluan

Penyakit Ebola merupakan virus yang dapat menyebar melalui kontak langsung dengan individu melalui kulit rusak atau selaput lendir dengan darah, sekresi, organ atau cairan tubuh lain dari orang yang terinfeksi. Penyebaran dapat juga terjadi pada individu terinfeksi dengan benda yang terkontaminasi antara lain tempat tidur dan pakaian yang terkontaminasi dengan cairan. Penyebaran virus Ebola terjadi ketika masyarakat melakukan kontak langsung dengan masyarakat lain saat melakukan perjalanan antar wilayah. Virus tersebut memiliki masa inkubasi 2-21 hari. Sedemikian hingga fenomena yang terjadi dapat dimodelkan.

Model matematika merupakan salah satu metode yang dapat digunakan untuk mempelajari dinamika dan memprediksi perilaku dari penyebaran virus Ebola. Fenomena tersebut dimodelkan oleh persamaan diferensial dengan representasi waktu kontinu. Beberapa contoh model matematika yang digunakan untuk mengetahui penyelesaian model penyebaran virus Ebola antara lain model SI, SIS, SIR, SEIS, SEIR, dan sebagainya.

Hariyanto, Widodo, B., dan Budi, I, Nyoman (2013) mengkonstruksi model koalisi antara virus influenza dengan H5N1 yang menyerang hewan unggas dan manusia. Model tersebut dibentuk berdasarkan transisi dan perubahan genetik pada populasi individu serta dilakukan analisa co-eksistensi dari kedua transmisi virus. Rohmah, A.W., Hariyanto, Imron. C (2016) mengkonstruksi dan menganalisa model penyebaran virus Ebola antar dua Negara (Guinea dan Sierra Leone). Model tersebut dilakukan untuk mengetahui pola penyebaran penyakit. Rohmah (2017) menentukan solusi positif pada Model SIR untuk mengetahui ketunggalan dan eksistensi serta solusi pada model tersebut.

Berbeda dengan penelitian sebelumnya, pada penelitian ini mengembangkan model matematika tipe SEIR yang menggambarkan transmisi penyebaran virus Ebola antar dua wilayah tanpa adanya subpopulasi yang dapat terinfeksi kembali. Penelitian ini dilakukan karena banyaknya subpopulasi terinfeksi dalam suatu wilayah yang tidak hanya disebabkan oleh individu pada satu wilayah tetapi dapat disebabkan oleh individu dari wilayah lain. Untuk mengetahui model penyebaran virus perlu dilakukan analisa. Analisa yang dapat dilakukan yaitu eksistensi dan ketunggalan penyelesaian model SEIR dengan menunjukkan konstanta *Lipschitz*, Analisa eksistensi dan ketunggalan dilakukan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian dan tunggal serta penyelesaian positif. Sedemikian sehingga dapat diketahui bahwa sistem tersebut memiliki aliran kontinu.

2. Metode Penelitian

Metode yang digunakan untuk mencapai tujuan pada penelitian ini adalah menyederhanakan model SEIR. Penyederhanaan model SEIR dilakukan untuk menekankan terjadinya evolusi pada subpopulasi yang diamati. Kemudian menentukan eksistensi dan ketunggalan pada model SEIR. Untuk menunjukkan eksistensi dan ketunggalan penyelesaian pada model SEIR, ditentukan konstanta *Lipschitz* $k(t)$. Misalkan $A \subset R$ dan $f: A \rightarrow R$ disebut fungsi *Lipschitz* jika terdapat $K > 0$ sedemikian hingga:

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

(Pangarapan, 2009).

Setelah diperoleh konstanta *Lipschitz*, selanjutnya menentukan penyelesaian positif pada masing masing model dan dapat ditunjukkan bahwa model SEIR memiliki aliran kontinu dan dinamis. Aliran kontinu $\mathcal{F} = (X, R, \pi)$ pada X , dimana $\pi: X \times R \rightarrow X$ adalah pemetaan kontinu sedemikian hingga $\pi(x, 0) = x$ untuk semua $x \in X$ dan $\pi(\pi(x, t), s) = \pi(x, t + s)$ untuk semua $x \in X$ dan $t, s \in R$ (Freedman dkk, 1993).

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Penyederhanaan Model SEIR

Langkah pertama sebelum dilakukan analisa eksistensi dan ketunggalan adalah penyederhanaan model SEIR sehingga diperoleh

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= \lambda_1 S_1 - b_1 S_1 - (1-p)S_1 - \alpha_1 S_1 + \alpha_2 S_2 - (1-q)S_1 \\ \frac{dS_2}{dt} &= \lambda_2 S_2 - b_2 S_2 - (1-w)S_2 - \alpha_2 S_2 + \alpha_1 S_1 - (1-y)S_2 \\ \frac{dE_1}{dt} &= pE_1 - (1-n)E_1 - b_1 E_1 - \alpha_1 E_1 + \alpha_2 E_2 + qE_1 \\ \frac{dE_2}{dt} &= wE_2 - (1-c)E_2 - b_2 E_2 - \alpha_2 E_2 + \alpha_1 E_1 + yE_2 \\ \frac{dI_1}{dt} &= nI_1 - b_1 I_1 - (1-k)I_1 \\ \frac{dI_2}{dt} &= cI_2 - b_2 I_2 - (1-u)I_2 \\ \frac{dR_1}{dt} &= kR_1 - b_1 R_1 - \alpha_1 R_1 + \alpha_2 R_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= uR_2 - b_2 R_2 - \alpha_2 R_2 + \alpha_1 R_1 \end{aligned} \tag{1}$$

3.2 Analisa Eksistensi dan Ketunggalan

Langkah selanjutnya adalah ditunjukkan eksistensi dan ketunggalan pada Model SEIR. Untuk menunjukkan eksistensi dan ketunggalan penyelesaian, ditentukan konstanta *Lipschitz* berikut.

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

Sehingga model SEIR berlaku untuk setiap $t \in R$. Selanjutnya Persamaan (1) dapat dibentuk

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

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

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

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

Selanjutnya akan dicari nilai dari $k(t)$ yang merupakan konstanta *Lipschitz* dan memenuhi bentuk berikut.

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

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} \text{ dinyatakan sebagai } a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}, \text{ dengan}$$

$i = 1, 2, 3, 4$ maka

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

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

Berdasarkan Persamaan (1) dapat dibentuk sebagai berikut.

1. Susceptible

$$a_{i1} = f(S_1^1, t) - f(S_1^2, t)$$

$$a_{11} = (\lambda_1 - b_1 - (1-p) - (1-q))(S_1^1 - S_1^2) + (\lambda_2 - b_2 - (1-w) - (1-y))(S_2^1 - S_2^2)$$

menggunakan ketentuan (2) maka diperoleh

$$\|a_{11}\| \leq \|(\lambda_1 - b_1 - (1-p) - (1-q))(S_1^1 - S_1^2)\| + \|(\lambda_2 - b_2 - (1-w) - (1-y))(S_2^1 - S_2^2)\| \quad (3)$$

2. Exposed

$$a_{i1} = f(E_1^1, t) - f(E_1^2, t)$$

$$a_{21} = (p - (1-n) - b_1 + q)(E_1^1 - E_1^2) + (w - (1-c) - b_2 + y)(E_2^1 - E_2^2)$$

menggunakan ketentuan (2) maka diperoleh

$$\|a_{21}\| \leq \|(p - (1-n) - b_1 + q)(E_1^1 - E_1^2)\| + \|(w - (1-c) - b_2 + y)(E_2^1 - E_2^2)\| \quad (4)$$

3. *Infected*

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(I_1^1, t) - f(I_1^2, t) \\ a_{31} &= (n - b_1 - (1 - k))(I_1^1 - I_1^2) + (c - b_2 - (1 - u))(I_2^1 - I_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (2) maka diperoleh

$$\|a_{31}\| \leq \|(n - b_1 - (1 - k))(I_1^1 - I_1^2)\| + \|(c - b_2 - (1 - u))(I_2^1 - I_2^2)\| \quad (5)$$

4. *Removed*

$$\begin{aligned} a_{i1} &= f(R_1^1, t) - f(R_1^2, t) \\ a_{41} &= (k - b_1)(R_1^1 - R_1^2) + (u - b_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (2) maka diperoleh

$$\|a_{41}\| \leq \|(k - b_1)(R_1^1 - R_1^2)\| + \|(u - b_2)(R_2^1 - R_2^2)\| \quad (6)$$

Selanjutnya Persamaan (3) – (6) dapat dibentuk norm sebagai berikut.

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

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

$$\begin{aligned} \begin{vmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{vmatrix} &\leq \begin{vmatrix} (\lambda_1 - b_1 - (1 - p) - (1 - q))(S_1^1 - S_1^2) \\ (p - (1 - n) - b_1 + q)(E_1^1 - E_1^2) \\ (n - b_1 - (1 - k))(I_1^1 - I_1^2) \\ (k - b_1)(R_1^1 - R_1^2) \end{vmatrix} \\ &+ \begin{vmatrix} (\lambda_2 - b_2 - (1 - w) - (1 - y))(S_2^1 - S_2^2) \\ (w - (1 - c) - b_2 + y)(E_2^1 - E_2^2) \\ (c - b_2 - (1 - u))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u - b_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{vmatrix} \end{aligned} \quad (7)$$

Sehingga

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

Dengan demikian diperoleh konstanta *Lipschitz* $k(t)$ di kedua wilayah tersebut adalah

$$\begin{aligned} &\left\| \begin{vmatrix} (\lambda_1 - b_1 - (1 - p) - (1 - q))(S_1^1 - S_1^2) + (\lambda_2 - b_2 - (1 - w) - (1 - y))(S_2^1 - S_2^2) \\ (p - (1 - n) - b_1 + q)(E_1^1 - E_1^2) + (w - (1 - c) - b_2 + y)(E_2^1 - E_2^2) \\ (n - b_1 - (1 - k))(I_1^1 - I_1^2) + (c - b_2 - (1 - u))(I_2^1 - I_2^2) \\ (k - b_1)(R_1^1 - R_1^2) + (u - b_2)(R_2^1 - R_2^2) \end{vmatrix} \right\| \\ &\leq k_1(t) \begin{vmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{vmatrix} + k_2(t) \begin{vmatrix} (S_2^1 - S_2^2) \\ (E_2^1 - E_2^2) \\ (I_2^1 - I_2^2) \\ (R_2^1 - R_2^2) \end{vmatrix} \end{aligned}$$

Individu *infected* hanya dapat menyebarkan virus di wilayahnya sendiri. Sedemikian hingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected* di masing-masing wilayah. Dengan demikian nilai maksimum dari $\{k_1(t), k_2(t)\}$ merupakan konstanta *Lipschitz* di wilayah 1 dan wilayah 2. Konstanta *Lipschitz* mempunyai pengaruh sangat besar terhadap konstruksi model SEIR untuk setiap $t \in R^+$.

Dengan $k_1(t) = \left| \left((n)_{max} - (b_1 + (1 - k))_{min} \right) \right|$ dan $k_2(t) = \left| \left((c)_{max} - (b_2 + (1 - u))_{min} \right) \right|$.

3.3 Penyelesaian Positif

Sebelum ditunjukkan bahwa sistem memiliki aliran kontinu dan dinamis, perlu dikonstruksi model mempunyai penyelesaian positif. Pada model matematika *SEIR* terjadi pergerakan pada setiap individu di wilayahnya sendiri maupun di wilayah lain. Dalam hal ini pergerakan yang terjadi di wilayahnya sendiri misalkan individu *susceptible* bergerak dan memiliki peluang bertemu dengan individu *infected*, sehingga mengakibatkan terjadinya transmisi virus dan mengakibatkan terjadinya perubahan status dari individu *susceptible* menjadi individu *exposed*. Untuk pergerakan yang terjadi antar wilayah misalkan individu *susceptible* di wilayah 1 melakukan perjalanan ke wilayah 2 dan individu *susceptible* berhubungan kontak langsung dengan individu *exposed*, dan juga sebaliknya untuk wilayah 2.

Perubahan dinamis yang terjadi pada konstruksi model matematika ditunjukkan oleh perubahan status individu terhadap virus yang disebabkan oleh transmisi virus, karena untuk menunjukkan bahwa konstruksi model merupakan sistem dinamis, pengamatan ditujukan pada dinamika virus yang dapat dilihat pada model sistem. Selanjutnya ditentukan total populasi pada masing-masing wilayah dari Persamaan (1) dan ditentukan penyelesaiannya.

Pada model wilayah 1 terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* dari wilayah 1 yang melakukan perjalanan ke wilayah 2 tetapi juga terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* dari wilayah 2 yang melakukan perjalanan ke wilayah 1. Diasumsikan bahwa individu dari wilayah 1 yang melakukan perjalanan ke wilayah 2 dengan proporsi sebesar δ_1 dan individu dari wilayah 2 yang melakukan perjalanan ke wilayah 1 dengan proporsi sebesar δ_2 , dimana subpopulasi *infected* terbatas, tidak dapat melakukan perjalanan ke wilayah lain. Sedemikian hingga proporsi subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* yang berasal dari wilayah 1 yang melakukan perjalanan ke wilayah 2 $(\alpha_1(N_1 - I_1))$ adalah $\delta_1 N_1$. Untuk proporsi subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* yang berasal dari wilayah 2 yang melakukan perjalanan ke wilayah 1 $(\alpha_2(N_2 - I_2))$ adalah $\delta_2 N_1$.

Untuk model wilayah 2 terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* dari wilayah 2 yang melakukan perjalanan ke wilayah 1 tetapi juga terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* dari wilayah 1 yang melakukan perjalanan ke wilayah 2. Diasumsikan bahwa individu dari wilayah 2 yang melakukan perjalanan ke wilayah 1 dengan proporsi sebesar δ_3 dan individu dari wilayah 1 yang melakukan perjalanan ke wilayah 2 dengan proporsi sebesar δ_4 , dimana subpopulasi *infected* terbatas, tidak dapat melakukan perjalanan ke wilayah lain. Sedemikian hingga proporsi subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* yang berasal dari wilayah 1 yang melakukan perjalanan ke wilayah 2 ($\alpha_2(N_2 - I_2)$) adalah $\delta_3 N_2$. Untuk proporsi subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *removed* yang berasal dari wilayah 2 yang melakukan perjalanan ke wilayah 1 ($\alpha_1(N_1 - I_1)$) adalah $\delta_4 N_2$.

Oleh karena itu total populasi untuk wilayah 1 adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{dN_1}{dt} &= \frac{dS_1}{dt} + \frac{dE_1}{dt} + \frac{dI_1}{dt} + \frac{dR_1}{dt} \\ &= a_1 N_1 - b_1 N_1 - \delta_1 N_1 + \delta_2 N_1 \end{aligned}$$

Sedemikian hingga dapat ditulis sebagai berikut.

$$\frac{dN_1}{dt} = a_1 N_1 - b_1 N_1 - \delta_1 N_1 + \delta_2 N_1 \quad (8)$$

Sehingga penyelesaiannya untuk Persamaan (8) adalah

$$\begin{aligned} \frac{dN_1}{dt} &= (a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2) N_1 \\ \int \frac{dN_1}{N_1} &= \int (a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2) dt \\ \ln|N_1| &= (a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2)t + c \\ N_1 &= C e^{(a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2)t} \end{aligned}$$

Selanjutnya ditentukan nilai konstanta C dengan $t = 0$ sehingga

$$\begin{aligned} N_1(0) &= C e^{(a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2)t} \\ C &= N_1(0) \end{aligned}$$

Kemudian nilai C disubstitusikan ke $N_1(t)$ sehingga

$$N_1(t) = N_1(0) e^{(a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2)t}$$

Pada saat $t \rightarrow \infty$ diperoleh

$$\lim_{t \rightarrow \infty} N_1(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} (N_1(0) e^{(a_1 - b_1 - \delta_1 + \delta_2)t})$$

Sehingga $N_1(t)$ merupakan penyelesaian positif.

Untuk wilayah 2 adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{dN_2}{dt} &= \frac{dS_2}{dt} + \frac{dE_2}{dt} + \frac{dI_2}{dt} + \frac{dR_2}{dt} \\ &= a_2 N_2 - b_2 N_2 + \delta_3 N_2 - \delta_4 N_2 \end{aligned}$$

Sehingga dapat ditulis sebagai berikut.

$$\frac{dN_2}{dt} = a_2N_2 - b_2N_2 + \delta_3N_2 - \delta_4N_2 \quad (9)$$

Sedemikian hingga penyelesaian Persamaan (9) adalah

$$\begin{aligned} \frac{dN_2}{dt} &= (a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4)N_2 \\ \int \frac{dN_2}{N_2} &= \int (a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4) dt \\ \ln|N_2| &= (a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4)t + c \\ N_2 &= Ce^{(a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4)t} \end{aligned}$$

Selanjutnya ditentukan nilai konstanta C dengan $t = 0$ sehingga

$$\begin{aligned} N_2(0) &= Ce^{(a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4)t} \\ C &= N_2(0) \end{aligned}$$

Kemudian nilai C disubstitusikan ke $N_2(t)$ sehingga

$$N_2(t) = N_2(0)e^{(a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4)t}$$

Pada saat $t \rightarrow \infty$ diperoleh

$$N_2(t) = N_2(0)e^{(a_2 - b_2 + \delta_3 - \delta_4)t}$$

Sehingga $N_2(t)$ merupakan penyelesaian positif.

Berdasarkan model SEIR tersebut, setiap perubahan subpopulasi dalam total populasi N terhadap waktu (t) ada yang monoton naik dan monoton turun. Sedemikian hingga model tersebut memiliki aliran sistem dinamis.

4. Kesimpulan dan Saran

Berdasarkan hasil penelitian tersebut, diperoleh bahwa model SEIR mempunyai penyelesaian dan tunggal, serta mempunyai penyelesaian positif dan aliran model tersebut dinamis.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan Tinggi bidang Riset dan Pengabdian Kepada Masyarakat, karena telah diberikan pendanaan pada Artikel ilmiah ini, yang merupakan luaran dari penelitian dosen pemula tahun 2019.

Daftar Pustaka

- [1] Freedman, H. I., Ruan, S., dan Tang, M. 1993. Uniform Persistence and Sub Flows Near a Closed Positively Invariant Set. *Journal of Dynamics and Differential Equation* 6(2).

- [2] Hariyanto, W. Basuki, Budiantara, I Nyoman. 2013. The Construction of a Model Pre-Coalition between H1N1-p and H5N1 Influenza Virus in Indonesia. *Applied Mathematical Sciences*, Hikari Ltd Vol 7, p. 4899-4907.
- [3] Pangarapan, L.S. 2009. *Analisa Persoalan Optimasi Konveks Dua Tahap*. Tesis. Universitas Sumatra.
- [4] Rohmah, A.M. 2017. Solusi Postif Model SIR. *Unisda Journal Mathematics and Computer Science* 3(1), p. 21-28.
- [5] Rohmah, A.M., Hariyanto, C. Imron. 2016. Persitence Analyze of The Spreading Ebola Virus between Two Countries. *Proceeding of The 6th Annual Basic Science International Conference*, p. 354-357.