

# SIMULASI MODEL PENYEBARAN VIRUS EBOLA ANTAR DUA NEGARA DENGAN RUNGE KUTTA ORDE 4

*by* Awawin Mustana Rohmah 4

---

**Submission date:** 13-Jul-2018 08:44AM (UTC+0700)

**Submission ID:** 982190349

**File name:** Jurnal\_4\_opt.pdf (615K)

**Word count:** 2266

**Character count:** 13046

## SIMULASI MODEL PENYEBARAN VIRUS EBOLA ANTAR DUA NEGARA DENGAN RUNGE KUTTA ORDE 4

Awawin Mustana Rohmah<sup>1)</sup>, Hariyanto<sup>2)</sup>, Chairul Imron<sup>3)</sup>,  
Rifkyardhana Kisnosaputra<sup>4)</sup>

<sup>1,4)</sup>Universitas Islam Darul 'Ulum Lamongan

<sup>2,3)</sup>Institut Teknologi Sepuluh Nopember

awawin.emer@gmail.com

### Abstrak

Fenomena yang terjadi pada penyebaran virus ebola di dua negara yaitu banyaknya subpopulasi terinfeksi dalam suatu negara yang tidak hanya disebabkan oleh individu terinfeksi pada satu negara tetapi dapat disebabkan oleh individu dari negara lain yang melakukan perjalanan, sehingga individu yang terinfeksi dapat menularkan ke individu yang rentan. Berdasarkan fenomena tersebut, dibentuk model matematika *SEIR* untuk mengetahui dinamika penyebaran virus di negara Guinea dan Sierra Leone dengan dilakukan simulasi pada Runge Kutta Orde-4. Dalam hal ini ditentukan bilangan reproduksi dasar untuk mengetahui kestabilan dan aliran penyebaran virus. Pada bilangan reproduksi dasar menunjukkan  $\mathcal{R}_0 > 1$  yang berarti bahwa kedua negara tersebut dalam keadaan endemik. Pada hasil simulasi menunjukkan bahwa negara Sierra Leone memiliki penyebaran yang lebih tinggi dibandingkan negara Guinea, hal ini dikarenakan adanya transmisi virus di negara Sierra Leone yang lebih tinggi dan sesuai berdasarkan grafik kasus penyebaran virus Ebola.

**Kata kunci:** Model matematika *SEIR*; Virus Ebola; Bilangan Reproduksi Dasar; Runge Kutta orde-4

Dewasa ini, penyakit menular dibelahan dunia beraneka ragam, misalnya di Afrika Barat, penyakit yang sedang dikhawatirkan oleh penduduk Afrika dan *World Health Organization* (WHO) adalah penyebaran virus Ebola. Penyebaran Virus Ebola berawal dari kelelawar yang terserang virus, dimana masyarakat di Afrika Barat masih sering berhubungan kontak langsung dengan 10-wan yang terinfeksi virus, sehingga banyak individu yang terjangkit, serta ketergantungan pada pengobatan tradisional dan praktik budaya yang melibatkan kontak fisik dengan individu yang terjangkit virus dan yang sudah meninggal. Virus Ebola menyebar melalui kontak langsung diantara individu-individu antara lain melalui kulit rusak atau selaput lendir dengan darah, sekresi, organ atau cairan tubuh lain dari orang yang terinfeksi, atau dapat juga terjadi individu terinfeksi karena kontak dengan benda yang terkontaminasi antara lain tempat tidur dan pakaian yang terkontaminasi dengan cairan. (Bray, M & Chertow, 2015).

Hariyanto, dkk (2013) mengkontruksi model pra-koalisi antara virus influenza H1N1-p dengan H5N1 yang menyerang hewan unggas dan manusia. Model tersebut dibentuk berdasarkan transisi dan perubahan genetik pada

populasi individu, dilakukan analisa co-eksistensi dari kedua transmisi virus. Atangana & Goufo (2014) mengkonstruksi model matematika pada penyebaran penyakit yang mematikan yaitu virus Ebola di Afrika Barat. Li, Z dkk. (2015) menganalisa model epidemik *Susceptible Exposed Infected Treatment* (SEIT) dengan aplikasi transmisi virus Ebola di Guinea serta dilakukan estimasi parameter model tersebut dengan metode *Least Square*. Rohmah, dkk (2016) mengkonstruksi model matematika *SEIR*. Model dibentuk adanya fenomena penyebaran virus ebola antar dua negara dan dilakukan analisa persistensi pada model tersebut.

Pada artikel ini mengembangkan model matematika tipe *SEIR* (*Susceptible Exposed Infected Removed*) yang ditulis oleh Rohmah, dkk (2016) untuk menggambarkan fenomena dan transmisi dengan simulasi pada penyebaran virus Ebola antar dua negara di Afrika Barat, yaitu Guinea dan Sierra Leone. Selanjutnya ditentukan bilangan reproduksi dasar untuk mengetahui aliran virus. Pada bagian akhir berdasarkan bilangan reproduksi dasar yang diperoleh dan hasil ilustrasi dalam simulasi numerik menggunakan *software* Matlab dengan metode Runge Kutta Orde 4 yang bertujuan untuk mengetahui pengaruh perpindahan individu antar negara pada penyebaran virus.

## METODE

Metodologi yang digunakan untuk mencapai tujuan dari penelitian ini adalah menentukan bilangan reproduksi dasar untuk mengetahui aliran suatu virus. Untuk menentukan bilangan reproduksi dasar digunakan dengan Matriks generasi selanjutnya yaitu  $A = FV^{-1}$  dan angka reproduksi dasar dapat dituliskan sebagai  $\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \rho(A)$ , dengan  $\rho(A)$  adalah *spectral radius* dari matriks  $A$ , yaitu maksimum modulus nilai eigen dari matriks  $A$ . Adapun langkah-langkah yang dilakukan adalah sebagai berikut. Untuk menghitung bilangan reproduksi  $\mathcal{R}_0$  dari persamaan (1) hal yang harus dilakukan pertama adalah pembentukan matriks  $\mathcal{F}_i(x)$  dan matriks  $\mathcal{V}_i(x)$ . Didefinisikan matriks  $\mathcal{F}_i(x)$  adalah matriks yang komponennya merupakan laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $i$ , sedangkan matriks  $\mathcal{V}_i(x)$  adalah matriks yang komponennya merupakan laju dari perpindahan individu keluar  $\mathcal{V}_i^-(x)$  dan laju dari perpindahan individu masuk  $\mathcal{V}_i^+(x)$  ke kompartemen  $i$ . Setelah diperoleh diperoleh matriks  $\mathcal{F}_i(x)$  dan  $\mathcal{V}_i(x)$  dengan turunan parsial pada matriks Jacobi diperoleh matriks  $F$  dan  $V$ . Berdasarkan matriks  $F$  dan  $V$ , langkah selanjutnya mencari nilai  $FV^{-1}$ . Sedemikian hingga dapat ditentukan bilangan reproduksi dasar  $\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \rho(A)$ . Pada penyebaran virus Ebola digunakan simulasi dengan metode Runge kutta orde 4 berbantuan *software* Matlab.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan paper yang ditulis oleh Rohmah, dkk (2016) ada model ini populasi dibagi menjadi empat subpopulasi, yaitu subpopulasi *Susceptible* ( $S$ ), subpopulasi *Exposed* ( $E$ ), subpopulasi *Infected* ( $I$ ), dan subpopulasi individu *Removed* ( $R$ ). Perubahan masing-masing subpopulasi dipengaruhi adanya interaksi antara individu *susceptible* dan bertemunya individu *infected* atau  $(s_i, i_i)$  dengan  $i = 1, 2$ . Jika  $\beta_i$  merupakan rate penularan virus dalam satu negara dan peluang pertemuan adalah  $\theta_i$ , maka  $\theta_i \beta_i s_i \frac{i_i}{N_1}$  merupakan banyaknya pertemuan

individu *susceptible* berinteraksi dengan individu *infected*. Sedemikian hingga  $\sum_{i=1}^2 \theta_i \beta_i s_i \frac{I_i}{N_i} = \theta \beta S \frac{I}{N}$ . Adanya interaksi subpopulasi *susceptible* dengan peluang subpopulasi *infected* pada negara Guinea adalah  $\theta_1 \beta_1 S_1 \frac{I_1}{N_1}$  dan untuk negara Sierra Leone adalah  $\theta_2 \beta_2 S_2 \frac{I_2}{N_2}$ . Namun juga terjadi kontak antara individu *exposed* dengan individu *susceptible* atau  $(s_i, e_j)$  dengan  $j = 2, 1$  dimana  $\omega_i$  merupakan rate penularan virus antar negara dan banyaknya pertemuan adalah  $\theta_i$ , sehingga  $\theta_i \omega_i \frac{s_i}{N_i} e_j$  merupakan banyaknya pertemuan individu *exposed* yang berinteraksi dengan individu *susceptible*, dimana individu *exposed* yang melakukan kontak dengan individu *susceptible* merupakan individu *removed* yang kembali ke *exposed*, yaitu individu laki-laki yang didalam spermanya masih terdapat virus, kemudian berhubungan kontak langsung dengan individu *susceptible*, sehingga individu *susceptible* dapat terinfeksi virus yang berasal dari individu *exposed*. Oleh sebab itu jumlah individu tersebut dapat ditulis  $\sum_{i=1}^2 \theta_i \omega_i \frac{s_i}{N_i} e_j = \theta \omega \frac{S}{N} E$ . Adanya interaksi subpopulasi *exposed* yang berinteraksi dengan peluang subpopulasi *susceptible* pada negara Guinea adalah  $\theta_1 \omega_1 \frac{S_1}{N_1} E_2$  dan untuk negara Sierra Leone adalah  $\theta_2 \omega_2 \frac{S_2}{N_2} E_1$ . Parameter  $\alpha_i$  menyatakan rate travelling, dengan parameter  $b_i$  adalah rate kematian, parameter  $f_i$  adalah rate individu *exposed* kembali ke *susceptible*, rate individu *re moved* kembali ke *exposed* adalah  $g_i$ , rate individu *exposed* yang terinfeksi adalah  $\gamma_i$ , dan rate penyembuhan adalah  $k_i$ . Sedemikian hingga masing-masing subpopulasi tersebut dapat dibentuk dalam model matematika sebagai berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_1}{dt} &= a_1 N_1 - b_1 S_1 - \theta_1 \beta_1 S_1 \frac{I_1}{N_1} + f_1 E_1 - \alpha_1 S_1 + \alpha_2 S_2 - \theta_1 \omega_1 E_2 \frac{S_1}{N_1} \\
 \frac{dS_2}{dt} &= a_2 N_2 - b_2 S_2 - \theta_2 \beta_2 S_2 \frac{I_2}{N_2} + f_2 E_2 - \alpha_2 S_2 + \alpha_1 S_1 - \theta_2 \omega_2 E_1 \frac{S_2}{N_2} \\
 \frac{dE_1}{dt} &= \theta_1 \beta_1 S_1 \frac{I_1}{N_1} - \gamma_1 E_1 - b_1 E_1 - f_1 E_1 + g_1 R_1 - \alpha_1 E_1 + \alpha_2 E_2 + \theta_1 \omega_1 E_2 \frac{S_1}{N_1} \\
 \frac{dE_2}{dt} &= \theta_2 \beta_2 S_2 \frac{I_2}{N_2} - \gamma_2 E_2 - b_2 E_2 - f_2 E_2 + g_2 R_2 - \alpha_2 E_2 + \alpha_1 E_1 + \theta_2 \omega_2 E_1 \frac{S_2}{N_2} \\
 \frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - b_1 I_1 - k_1 I_1 \\
 \frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_1 - b_2 I_1 - k_2 I_2 \\
 \frac{dR_1}{dt} &= k_1 I_1 - b_1 R_1 - g_1 R_1 - \alpha_1 R_1 + \alpha_2 R_2 \\
 \frac{dR_2}{dt} &= k_2 I_2 - b_2 R_2 - g_2 R_2 - \alpha_2 R_2 + \alpha_1 R_1
 \end{aligned} \tag{1}$$

15

### Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar dapat digunakan untuk menunjukkan banyaknya infeksi baru yang disebabkan oleh individu terinfeksi selama individu tersebut hidup sebagai individu yang terinfeksi. Untuk menunjukkan bilangan reproduksi dasar harus memenuhi asumsi-asumsi yang diberikan (Driessche & Wetmough, 2002).

Berdasarkan Persamaan (1) ditentukan bilangan reproduksi dasar dengan  $FV^{-1}$ , sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar. Untuk memenuhi  $(\mathcal{R}_0) < 1$  yaitu dimana kondisi pada negara Guinea dan Sierra Leone dalam keadaan bebas penyakit dan Untuk memenuhi  $(\mathcal{R}_0) > 1$  yaitu dimana kondisi pada negara Guinea dan negara Sierra Leone dalam keadaan endemik maka diperoleh  $(\mathcal{R}_0)$  sebagai berikut.

$$\mathcal{R}_0 = \frac{(\theta_1 \omega_1 \alpha_1) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) + (\theta_1 \beta_1 \gamma_1) (\gamma_2 + b_2 + f_2 + \alpha_2) (b_2 + k_2)}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)} + \frac{2}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)} \frac{(\theta_2 \omega_2 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) + (\theta_2 \beta_2 \gamma_2) (\gamma_1 + b_1 + f_1 + \alpha_1) (b_1 + k_1)}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)} \sqrt{\frac{((\theta_1 \omega_1 \alpha_1) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) + (\theta_1 \beta_1 \gamma_1) (\gamma_2 + b_2 + f_2 + \alpha_2) (b_2 + k_2))}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)}}} \frac{2}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)} \left( \frac{(\theta_2 \omega_2 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) + (\theta_2 \beta_2 \gamma_2) (\gamma_1 + b_1 + f_1 + \alpha_1) (b_1 + k_1)}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)} \right)^2 \quad (2)$$

$$\frac{4((\theta_1 \omega_1 \alpha_1) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) + (\theta_1 \beta_1 \gamma_1) (\gamma_2 + b_2 + f_2 + \alpha_2) (b_2 + k_2))}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)}$$

$$\frac{(\theta_2 \omega_2 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) + (\theta_2 \beta_2 \gamma_2) (\gamma_1 + b_1 + f_1 + \alpha_1) (b_1 + k_1)}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)}$$

$$\frac{(\theta_1 \omega_1) (\gamma_1 + b_1 + f_1 + \alpha_1) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) - (\theta_2 \alpha_2 \beta_2 \gamma_2) (b_2 + k_2)}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)}$$

$$\frac{(\theta_2 \omega_2) (\gamma_1 + b_1 + f_1 + \alpha_1) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i) - (\theta_1 \beta_1 \gamma_1) (\gamma_2 + b_2 + f_2 + \alpha_2) (b_2 + k_2)}{\prod_{i=1}^2 ((\gamma_i + b_i + f_i + \alpha_i) (b_i + k_i)) + (\alpha_1 \alpha_2) \prod_{i=1}^2 (b_i + k_i)}$$

### Simulasi Numerik

Pada simulasi numerik yang dilakukan dengan bantuan *software* Matlab bertujuan untuk melihat penyebaran virus secara visual sehingga mudah untuk menganalisa sistem berdasarkan bilangan reproduksi dan analisa persistensi yang diperoleh dari model penyebaran virus antar dua negara. Pada simulasi ini, digunakan metode Runge Kutta orde-4.

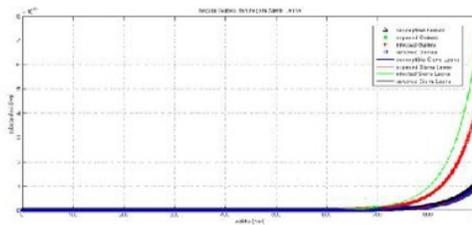
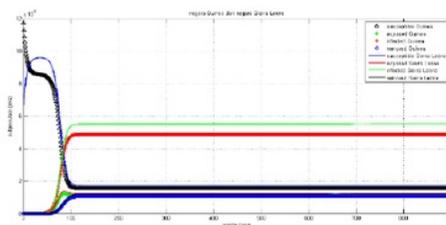
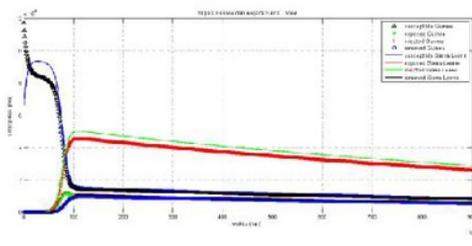
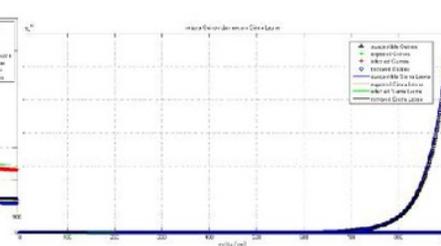
**Tabel 1.** Nilai awal untuk negara Guinea dan Sierra Leone (Li, Z dkk, 2015)

Subpopulasi pada saat $t = 0$	Nilai awal	Subpopulasi pada saat $t = 0$	Nilai awal	Subpopulasi pada saat $t = 0$	Nilai awal	Subpopulasi pada saat $t = 0$	Nilai awal
$S_1$	11.744.951	$S_2$	6.440.000	$I_1$	49	$I_2$	53
$E_1$	37	$E_2$	40	$R_1$	20	$R_2$	30

**Tabel 2** Nilai parameter pada negara Guinea dan Sierra Leone (Li, Z dkk, 2015)

Parameter	Pada negara Guinea	Parameter	Pada negara Sierra Leone
$a_1$	0.03692	$a_2$	0.03658
$b_1$	0.03692	$b_2$	0.03658
$\theta_1$	1	$\theta_2$	1
$\beta_1$	0.4	$\beta_2$	0.4
$f_1$	0.0085	$f_2$	0.0085
$\omega_1$	$9.3133 \times 10^{-8}$	$\omega_2$	$9.3133 \times 10^{-8}$
$\gamma_1$	0.4	$\gamma_2$	0.4
$g_1$	0.2	$g_2$	0.2
$k_1$	0.05140	$k_2$	0.05140
$\alpha_1$	0.09	$\alpha_2$	0.08

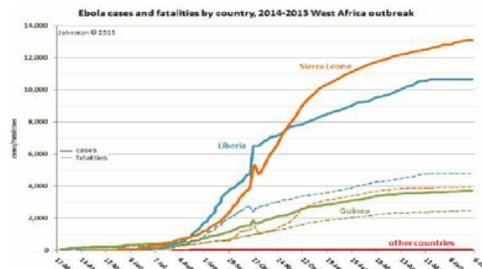
Berdasarkan Persamaan (1), nilai awal serta nilai parameter pada Tabel 1 dan Tabel 2 dilakukan simulasi dengan Runge Kutta Orde 4, sehingga diperoleh grafik berikut.

**Gambar 1** Perubahan subpopulasi di negara Guinea dengan rate kematian 0.01010 dan negara Sierra Leone dengan rate kematian 0.01680 serta  $\gamma_2 > \gamma_1$ **Gambar 2** Perubahan subpopulasi di negara Guinea dan Sierra Leone dengan rate kelahiran sama dengan rate kematian**Gambar 3** Perubahan subpopulasi di negara Guinea dan Sierra Leone dengan rate kematian lebih besar dari rate kelahiran**Gambar 4** Perubahan subpopulasi di negara Guinea dan Sierra Leone dalam keadaan bebas penyakit

8

Berdasarkan Gambar 1, Gambar 2, dan Gambar 3 dapat ditunjukkan bahwa sistem dalam keadaan endemik, dimana subpopulasi *infected* mengalami kenaikan. Pada Gambar 1 diberikan rate kematian kurang dari rate kelahiran,

Gambar 2 rate kelahiran sama dengan rate kematian, atau dapat dikatakan adanya kelahiran dan kematian adalah konstan. Untuk Gambar 3 diberikan rate kematian lebih besar dari pada rate kelahiran, mengakibatkan subpopulasi *infected* mengalami penurunan. Dari Gambar 1, Gambar 2, dan Gambar 3 sesuai dengan analisa pada bilangan reproduksi dasar saat  $\mathcal{R}_0 > 1$ . Sedangkan untuk Gambar 4 dapat ditunjukkan bahwa sistem dalam keadaan bebas penyakit, dengan subpopulasi *susceptible* mengalami kenaikan dan sesuai analisa bilangan reproduksi dasar saat  $\mathcal{R}_0 < 1$ .



**Gambar 5** Kasus dan kematian virus Ebola di Afrika Barat

Berdasarkan simulasi dapat ditunjukkan bahwa negara Sierra Leone memiliki penyebaran yang lebih tinggi dibandingkan negara Guinea, hal ini dikarenakan adanya transmisi virus di Sierra Leone yang lebih tinggi, dari pada negara Guinea sesuai berdasarkan grafik kasus penyebaran virus Ebola, dimana negara Sierra Leone memiliki kasus penyebaran virus Ebola yang lebih tinggi dibandingkan negara Guinea. Adapun grafik kasus penyebaran virus Ebola dapat dilihat Gambar 5.

12

## SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan tersebut, maka dapat diambil kesimpulan bahwa pada model penyebaran virus Ebola antar dua negara terdapat bilangan reproduksi dasar sebagai ambang batas kestabilan pada titik kesetimbangan bebas penyakit. Jika  $\mathcal{R}_0 < 1$  maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil. Jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil. Bilangan reproduksi dasar yang diperoleh untuk mengetahui aliran penyebaran virus. Pada simulasi diperoleh negara Sierra Leone memiliki penyebaran yang lebih tinggi dibandingkan negara Guinea, hal ini dikarenakan adanya transmisi virus di Sierra Leone yang lebih tinggi, dari pada negara Guinea sesuai grafik kasus penyebaran virus Ebola, dimana negara Sierra Leone memiliki kasus penyebaran virus Ebola yang lebih tinggi dibandingkan negara Guinea.

## AFTAR RUJUKAN

- Atangana, A & Goufo, E. F. D. 2014. On Mathematical Analysis of Ebola Hemorrhagic Fever: Deadly Infection Disease in West African Countries. *Journal of Biomed Research international*. Hal 1-11. Diakses dari: <http://dx.doi.org/10.1155/2014/261383>.
- Bray, M. & Chertov. Daniel S. 2015. *Epidemiology and Pathogenesis of Ebola Virus Disease*. [www.uptodate.com/contents/epidemiology-and-pathogenesis-of-ebola-disease](http://www.uptodate.com/contents/epidemiology-and-pathogenesis-of-ebola-disease), diakses 25 Agustus 2015.

- CDC (Centers for Disease Control and Prevention). 2015. Outbreak of Ebola Virus. Diakses dari <http://www.cdc.gov/>, 23 Agustus 2015.
- 2 Driessche, P. V., & Wetmough, J. 2002. Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Journal of Mathematical Biosciences*, 180: 29-48.
- Hariyanto, Widodo, B., Budiantara, I Nyoman. 2013. The Construction of a Model Pre-Coalition between H1N1-p and H5N1 Influenza Virus in Indonesia. *Journal of Applied Mathematical Scinces*, Hikari Ltd, 7: 4899-4907.
- 3 Li, Z., Teng, Z., Feng, X., Li, Y., & Zhang, H. 2015. Dynamical Analysis of an SEIT Epidemic Model with Application to Ebola Virus Transmission in Guinea. *Journal of Computational and Mathematical Methods in Medicine*, Hindawi Publishing Corporation. Diakses dari: <http://dx.doi.org/10.1155/2015/582625>.
- 6 Rohmah, A. M., Hariyanto, & Imron, C. 2016. Persistence Analyze of The Spreading Ebola Virus Between Two Countries. *Advancing to The Frontier of Innovation in Science: Proceeding of The 6<sup>th</sup> Annual Basic Science International Conference*, Diselenggarakan oleh Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, UB, 7 Juni 2016 Malang, 6: 354-357.

# SIMULASI MODEL PENYEBARAN VIRUS EBOLA ANTAR DUA NEGARA DENGAN RUNGE KUTTA ORDE 4

## ORIGINALITY REPORT

15%

SIMILARITY INDEX

11%

INTERNET SOURCES

8%

PUBLICATIONS

6%

STUDENT PAPERS

## PRIMARY SOURCES

- 1** Arta Ekayanti. "PENGEMBANGAN MODUL IRISAN KERUCUT BERBANTUAN GEOGEBRA", AKSIOMA: Jurnal Program Studi Pendidikan Matematika, 2017  
Publication 2%
- 2** [media.neliti.com](http://media.neliti.com)  
Internet Source 2%
- 3** Submitted to Imperial College of Science, Technology and Medicine  
Student Paper 1%
- 4** Submitted to University of Durham  
Student Paper 1%
- 5** Hariyanto, Lukman Hanafi, Suhud Wahyudi. "Density and persistence analyze on the spreading models multi-regions multi-patches", AIP Publishing, 2017  
Publication 1%
- 6** Ida Ayu Putu Ari Utari, Hariyanto. "Stability and persistence analysis of mathematical model of 1%

# BCG immunotherapy in superficial bladder cancer", Applied Mathematical Sciences, 2017

Publication

---

7	Submitted to Associatie K.U.Leuven Student Paper	1%
8	directory.umm.ac.id Internet Source	1%
9	adrcommunity.blogspot.com Internet Source	1%
10	id.wikipedia.org Internet Source	1%
11	Submitted to Universitas Negeri Surabaya The State University of Surabaya Student Paper	1%
12	eprints.unm.ac.id Internet Source	<1%
13	repository.usu.ac.id Internet Source	<1%
14	jurnal.syedzasaintika.ac.id Internet Source	<1%
15	eprints.uny.ac.id Internet Source	<1%
16	pt.scribd.com Internet Source	<1%

---

---

17	<a href="http://jurnal.untan.ac.id">jurnal.untan.ac.id</a> Internet Source	<1%
18	<a href="http://www.unhi.ac.id">www.unhi.ac.id</a> Internet Source	<1%
19	<a href="http://doria.fi">doria.fi</a> Internet Source	<1%
20	<a href="http://www.jmest.org">www.jmest.org</a> Internet Source	<1%

---

---

Exclude quotes      Off

Exclude matches      Off

Exclude bibliography      Off

# SIMULASI MODEL PENYEBARAN VIRUS EBOLA ANTAR DUA NEGARA DENGAN RUNGE KUTTA ORDE 4

---

## GRADEMARK REPORT

---

FINAL GRADE

**/0**

GENERAL COMMENTS

**Instructor**

---

PAGE 1

---

PAGE 2

---

PAGE 3

---

PAGE 4

---

PAGE 5

---

PAGE 6

---

PAGE 7

---