

ANALISIS MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT CAMPAK MENGGUNAKAN BENTUK SATURATED INCIDENCE RATE DENGAN INTERVENSI VAKSINASI DAN KARANTINA

Fika Kharisma

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya, Indonesia

e-mail: fika.22086@mhs.unesa.ac.id

Abadi

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya, Indonesia

e-mail: abadi@unesa.ac.id

Abstrak

Campak (*measles*) merupakan penyakit menular dengan tingkat penularan yang tinggi sehingga masih menjadi masalah kesehatan masyarakat. Pada penelitian ini dikonstruksi model matematika penyebaran campak dengan intervensi vaksinasi dan karantina menggunakan bentuk laju penularan nonlinear berupa *saturated incidence rate*. Model dibagi menjadi enam kompartemen, yaitu *susceptible* (S), *vaccinated* (V), *exposed* (E), *infected* (I), *quarantined* (Q), dan *removed/recovered* (R). Selanjutnya ditentukan titik kesetimbangan, bilangan reproduksi dasar (R_0), serta dianalisis kestabilan sistem. Hasil analisis menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 < 1$, sedangkan titik kesetimbangan endemik stabil berdasarkan kriteria Routh–Hurwitz. Simulasi numerik menunjukkan bahwa ketika $R_0 < 1$, jumlah individu terinfeksi menurun hingga mendekati nol sehingga penyakit tidak dapat bertahan dalam populasi. Sebaliknya, ketika $R_0 > 1$, penyakit tetap bertahan dalam populasi pada kondisi endemik. Selain itu, penggunaan *saturated incidence rate* menghasilkan dinamika sistem yang cenderung stabil tanpa osilasi berkepanjangan.

Kata Kunci: Campak, Vaksinasi, Karantina, Model Matematika, *Saturated Incidence Rate*, Bilangan Reproduksi Dasar, Analisis Kestabilan.

Abstract

Measles is a highly contagious infectious disease that remains a public health problem. In this study, a mathematical model of measles transmission with vaccination and quarantine interventions was constructed using a nonlinear transmission rate in the form of a saturated incidence rate. The model was divided into six compartments, namely susceptible (S), vaccinated (V), exposed (E), infected (I), quarantined (Q), and recovered (R). Furthermore, the equilibrium points, the basic reproduction number (R_0), and the stability of the system were analyzed. The results showed that the disease-free equilibrium point is locally asymptotically stable when $R_0 < 1$, while the endemic equilibrium point is stable based on the Routh–Hurwitz criteria. Numerical simulations showed that when $R_0 < 1$, the number of infected individuals decreases to zero so that the disease cannot persist in the population. Conversely, when $R_0 > 1$, the disease persists in the population under endemic conditions. In addition, the use of saturated incidence rate produces system dynamics that tend to reach a stable state without prolonged oscillations.

Keywords: Measles, Vaccination, Quarantine, Mathematical Model, *Saturated Incidence Rate*, Basic Reproduction Number, Stability Analysis.

PENDAHULUAN

Penyakit menular hingga kini masih menjadi salah satu tantangan kesehatan masyarakat paling kompleks di dunia karena tidak hanya berdampak pada aspek kesehatan, tetapi juga menimbulkan dampak sosial dan ekonomi, seperti menurunnya produktivitas serta meningkatnya beban pembiayaan kesehatan (Samsudin dkk., 2024). Salah satu penyakit menular yang masih menjadi perhatian global adalah campak (*measles*), yaitu penyakit yang sangat mudah

menyebarkan melalui udara akibat infeksi *Measles virus* (Alsulaiman dkk., 2025). Dalam beberapa tahun terakhir, kasus campak kembali mengalami peningkatan di berbagai wilayah dunia. Laporan World Health Organization menunjukkan kenaikan jumlah kasus global dari 9.665 kasus pada Januari–Februari 2021 menjadi 17.338 kasus pada periode yang sama tahun 2022 (WHO, 2022). Selain itu, pada tahun 2023 tercatat sekitar 10,3 juta kasus campak dengan perkiraan 107.500 kematian di seluruh dunia (WHO, 2024). Di Indonesia, jumlah kasus campak

juga menunjukkan adanya perubahan jumlah kasus dari waktu ke waktu, sehingga mengindikasikan bahwa transmisi penyakit ini belum sepenuhnya terkendali (Kemenkes, 2025).

Tingginya tingkat penularan campak dapat dijelaskan melalui nilai *basic reproduction number* (R_0) yang berada pada kisaran 12–18, yang berarti satu individu terinfeksi dapat menularkan penyakit kepada 12–18 orang lain dalam populasi yang rentan (Guerra dkk., 2017). Kondisi ini menunjukkan bahwa diperlukan strategi pengendalian yang efektif untuk menekan penyebaran penyakit. Vaksinasi merupakan salah satu upaya utama dalam pencegahan campak karena penyakit ini termasuk *vaccine-preventable disease* (MacKechne dkk., 2025). Selain itu, karantina atau isolasi mandiri bagi individu terinfeksi juga menjadi strategi penting untuk membatasi interaksi dan memutus rantai penularan (Banerjee dkk., 2021).

Pemodelan matematika merupakan salah satu pendekatan yang banyak digunakan untuk memahami dinamika penyebaran penyakit menular. Model epidemiologi seperti SIR dan SEIR menjadi dasar dalam pengembangan berbagai model yang lebih kompleks dengan memasukkan intervensi pengendalian. Penelitian oleh Aldila dkk. (2025) menunjukkan bahwa vaksinasi dan karantina memiliki peran penting dalam menekan penyebaran campak. Selain itu, Ibrahim dan Dénes (2023) menunjukkan bahwa efektivitas vaksin, khususnya melalui pemberian dosis kedua, merupakan faktor penting dalam pengendalian wabah campak.

Laju penularan dalam model epidemiologi klasik umumnya dimodelkan dalam bentuk bilinear. Pendekatan ini dianggap kurang memadai untuk penyakit dengan tingkat penularan sangat tinggi atau pada populasi berukuran besar. Oleh karena itu, diperlukan formulasi laju penularan yang lebih realistis, salah satunya adalah *saturated incidence rate* (Baba & Hincal, 2017). Pendekatan ini mampu menggambarkan keterbatasan kontak serta perubahan perilaku masyarakat ketika jumlah individu terinfeksi meningkat (Mathur & Narayan, 2018). Penggunaan laju penularan nonlinear juga telah diterapkan dalam pemodelan penyebaran campak. Adebimpe dkk. (2022) menunjukkan bahwa pendekatan *saturated incidence rate* relevan dalam menganalisis dinamika penyebaran penyakit dengan tingkat penularan yang tinggi.

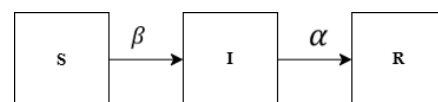
Berdasarkan uraian tersebut, penelitian ini mengembangkan model matematika penyebaran campak dengan memasukkan intervensi vaksinasi dan karantina serta menggunakan laju penularan nonlinear (*saturated incidence rate*). Model yang dibangun merupakan pengembangan dari penelitian sebelumnya (Aldila dkk., 2025) dengan penyesuaian struktur kompartemen dan mekanisme penularan agar dapat merepresentasikan dinamika penyebaran secara lebih realistis. Tujuan penelitian ini adalah mengonstruksi model matematika, menentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik, menghitung bilangan reproduksi dasar (R_0), menganalisis kestabilan sistem, serta melakukan simulasi numerik untuk menginterpretasikan dinamika penyebaran penyakit campak pada model tersebut.

Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi dalam pengembangan model epidemiologi matematika serta menjadi referensi dalam memahami dinamika penyebaran penyakit campak.

KAJIAN TEORI

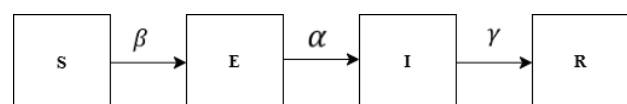
Model SIR dan SEIR

Model SIR diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick dan menjadi dasar dalam pemodelan penyakit menular. Model ini membagi populasi ke dalam tiga kompartemen, yaitu *susceptible*, *infected*, dan *recovered* (Martcheva, 2015). Perpindahan antar kompartemen terjadi melalui proses penularan dan pemulihan seperti yang ditunjukkan pada gambar berikut.



Gambar 1. Diagram Alir Model SIR

Model SEIR merupakan pengembangan dari model SIR dengan penambahan kompartemen *exposed* untuk merepresentasikan individu yang telah terpapar tetapi belum menularkan penyakit (Kuhl, 2021). Berikut ditampilkan diagram alir model SEIR untuk mempermudah pemahaman.



Gambar 2. Diagram Alir Model SEIR

Laju Penularan dalam Model Epidemiologi

Dalam pemodelan epidemiologi, fungsi insidensi berperan penting dalam menentukan dinamika penyebaran penyakit. Salah satu bentuk yang umum digunakan adalah *bilinear incidence rate* βSI , yang mengasumsikan bahwa laju infeksi sebanding dengan hasil kali jumlah individu rentan dan individu terinfeksi pada suatu waktu tertentu (Nguyen, 2024).

Namun, bentuk ini menjadi kurang realistis ketika jumlah individu terinfeksi meningkat, karena tidak mempertimbangkan adanya perubahan perilaku dan efek kepadatan dalam populasi. Oleh karena itu, digunakan *saturated incidence rate* dengan bentuk:

$$\frac{\beta SI}{1 + \alpha I} \quad (1)$$

yang memasukkan efek penghambatan melalui faktor $\frac{1}{1+\alpha I}$, sehingga laju penularan tidak meningkat tanpa batas (Mengistu & Witbooi, 2020).

Titik Keseimbangan

Dalam sistem dinamik, model dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$\mathbf{X}' = \mathbf{F}(\mathbf{X}), \quad \mathbf{X} \in \mathbb{R}^n. \quad (2)$$

Suatu titik $\mathbf{X}^* \in \mathbb{R}^n$ disebut titik keseimbangan jika memenuhi

$$\mathbf{F}(\mathbf{X}^*) = \mathbf{0}. \quad (3)$$

yang menunjukkan bahwa sistem tidak mengalami perubahan terhadap waktu (Wiggins, 2000).

Dalam model epidemi, titik keseimbangan terdiri atas *disease-free equilibrium* (DFE) dan *endemic equilibrium* (EE), yang masing-masing merepresentasikan kondisi tanpa infeksi dan kondisi penyakit tetap ada dalam populasi (Pathak & Kota, 2025).

Kestabilan Titik Keseimbangan

Kestabilan titik keseimbangan dianalisis melalui linearisasi sistem di sekitar titik tersebut. Jika diberikan sistem $\mathbf{X}' = \mathbf{F}(\mathbf{X})$, maka linearisasi di titik keseimbangan $\mathbf{X}^*$ menghasilkan sistem linear

$$\frac{d\mathbf{u}}{dt} = \mathbf{J}(\mathbf{X}^*)\mathbf{u}, \quad (4)$$

dengan $\mathbf{J}(\mathbf{X}^*)$ merupakan matriks Jacobian (Boyce dkk., 2017). Kestabilan sistem kemudian ditentukan melalui nilai eigen dari matriks Jacobian, yang diperoleh dari persamaan karakteristik berikut (Brauer dkk., 2019).

$$\det(A - \lambda I) = 0 \quad (5)$$

Secara umum, klasifikasi tipe titik kritis berdasarkan nilai eigen ditunjukkan pada Tabel berikut.

Tabel 1. Sifat Kestabilan Sistem Linear

Nilai Eigen	Tipe Titik Keseimbangan	Kestabilan
$r_1 > r_2 > 0$	Node	Tidak stabil
$r_1 < r_2 < 0$	Node	Asimtotik stabil
$r_2 < 0 < r_1$	Saddle Point	Tidak stabil
$r_1 = r_2 > 0$	Proper / Improper node	Tidak stabil
$r_1 = r_2 < 0$	Proper / Improper node	Asimtotik stabil
$r_{1,2} = \lambda \pm i\mu, \lambda > 0$	Spiral point	Tidak stabil
$r_{1,2} = \lambda \pm i\mu, \lambda < 0$	Spiral point	Asimtotik stabil
$r_{1,2} = \pm i\mu$	Center	Stabil

Apabila penentuan nilai eigen sulit dilakukan secara eksplisit, kestabilan dapat dianalisis menggunakan kriteria Routh-Hurwitz melalui polinom karakteristik

$$\det(sI - A) = s^n + p_{n-1}s^{n-1} + \dots + p_0. \quad (6)$$

Sistem dikatakan stabil jika seluruh elemen pada kolom pertama tabel Routh memiliki tanda yang sama (Olsder dkk., 2011).

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah jumlah rata-rata infeksi sekunder yang dihasilkan oleh satu individu terinfeksi dalam populasi rentan. Nilai ini menjadi parameter ambang, di mana $R_0 < 1$ menunjukkan penyakit akan menghilang, sedangkan $R_0 > 1$ memungkinkan penyebaran penyakit (Ochwach & Okongo, 2023).

Nilai R_0 dapat ditentukan menggunakan metode *Next-Generation Matrix* (NGM), yang diperoleh dari linearisasi subsistem terinfeksi di sekitar titik keseimbangan bebas penyakit. Secara umum, NGM diberikan oleh

$$K = -T\Sigma^{-1}, \quad (7)$$

dan nilai R_0 ditentukan dari nilai eigen dominan matriks tersebut (Diekmann dkk., 2009).

METODE

Penelitian ini merupakan studi literatur yang dilengkapi dengan simulasi numerik. Model

matematika yang dikembangkan merupakan modifikasi dari model SVE_1E_2IQR (Aldila dkk., 2025) dengan penyederhanaan struktur kompartemen menjadi *Susceptible* (S), *Vaccinated* (V), *Exposed* (E), *Infected* (I), *Quarantined* (Q), dan *Removed/Recovered* (R). Selain itu, laju penularan dimodifikasi dari bentuk *bilinear* menjadi *saturated incidence rate* $\frac{\beta SI}{1+mI}$ untuk merepresentasikan keterbatasan kontak dan efek kejenuhan dalam proses penularan (Adebimpe dkk., 2022).

Model yang diperoleh dianalisis dengan menentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan endemik, serta menghitung bilangan reproduksi dasar menggunakan metode *Next-Generation Matrix* (NGM). Analisis kestabilan dilakukan melalui linearisasi sistem di sekitar titik kesetimbangan dan ditentukan berdasarkan nilai eigen matriks Jacobian, serta menggunakan kriteria Routh–Hurwitz jika diperlukan. Selanjutnya, simulasi numerik dilakukan menggunakan Google Colab untuk menggambarkan dinamika model dan mendukung hasil analisis.

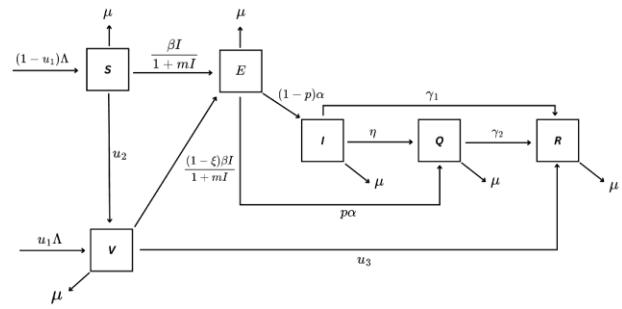
HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Matematika

Model dibangun berdasarkan asumsi sebagai berikut:

1. Populasi bersifat homogen.
2. Populasi tertutup, kecuali kelahiran dan kematian alami.
3. Penularan terjadi melalui interaksi individu rentan dan terinfeksi.
4. Individu rentan tidak memiliki kekebalan sehingga berpotensi terinfeksi setelah kontak dengan individu terinfeksi.
5. Individu terpapar belum menularkan penyakit.
6. Individu tervaksinasi belum memiliki perlindungan sempurna.
7. Individu karantina tidak berkontribusi dalam penularan.
8. Individu sembuh memiliki kekebalan permanen.
9. Kematian hanya disebabkan oleh kematian alami dengan laju yang sama pada seluruh kompartemen.
10. Semua parameter konstan terhadap waktu.

Berdasarkan asumsi yang telah ditetapkan, dibangun diagram kompartemen model penyebaran campak dengan vaksinasi dan karantina menggunakan *saturated incidence rate* sebagai berikut.



Gambar 3. Diagram Kompartemen Model SVEIQR

Berdasarkan diagram tersebut, alur perpindahan individu dapat dijelaskan sebagai berikut. Populasi bertambah melalui kelahiran dengan laju Λ , di mana sebagian individu masuk ke kompartemen rentan dan sebagian lainnya ke kompartemen tervaksinasi. Individu rentan dapat menerima vaksinasi atau menjadi terpapar akibat interaksi dengan individu terinfeksi.

Individu tervaksinasi masih berpeluang terinfeksi karena efektivitas vaksin dosis pertama belum sempurna. Individu terpapar akan berkembang menjadi terinfeksi atau masuk ke karantina setelah masa inkubasi. Individu terinfeksi dapat sembuh atau dipindahkan ke karantina, sedangkan individu karantina dapat pulih dengan laju lebih tinggi. Individu yang sembuh maupun yang memperoleh kekebalan penuh setelah vaksinasi dosis kedua masuk ke kompartemen recovered.

Berdasarkan mekanisme tersebut, diperoleh sistem persamaan diferensial:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= (1 - u_1)\Lambda - \frac{\beta SI}{1 + mI} - u_2S - \mu S \\ \frac{dV}{dt} &= u_1\Lambda + u_2S - \frac{(1 - \xi)\beta VI}{1 + mI} - u_3V - \mu V \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{1 + mI} + \frac{(1 - \xi)\beta VI}{1 + mI} - (\alpha + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} &= (1 - p)\alpha E - (\eta + \gamma_1 + \mu)I \\ \frac{dQ}{dt} &= p\alpha E + \eta I - (\gamma_2 + \mu)Q \\ \frac{dR}{dt} &= u_3V + \gamma_1 I + \gamma_2 Q - \mu R\end{aligned}\quad (8)$$

Tabel berikut menyajikan simbol beserta keterangan variabel dan parameter yang digunakan dalam model.

Tabel 2. Variabel pada Model SVEIQR

Variabel	Keterangan
S	Individu rentan yang belum memiliki kekebalan terhadap campak
V	Individu yang telah menerima vaksin dosis pertama
E	Individu terpapar dalam masa inkubasi dan belum menularkan penyakit
I	Individu terinfeksi dan dapat menularkan penyakit
Q	Individu terinfeksi yang menjalani karantina
R	Individu sembuh atau memiliki kekebalan permanen

Tabel 3. Parameter pada Model SVEIQR

Parameter	Keterangan
Λ	Laju kelahiran
β	Laju penularan campak
u_1	Proporsi bayi yang menerima vaksin dosis pertama
u_2	Laju vaksinasi dosis pertama untuk non-bayi
u_3	Laju vaksinasi dosis kedua
ξ	Efektivitas vaksin dosis pertama
α	Laju transisi dari terpapar ke tahap berikutnya setelah masa inkubasi
p	Proporsi individu terpapar yang dikarantina setelah masa inkubasi
η	Laju pindah individu terinfeksi ke karantina
γ_1	Laju pemulihan individu terinfeksi yang tidak dikarantina
γ_2	Laju pemulihan individu karantina
μ	Laju kematian alami
m	Efek kepadatan dan perilaku terhadap kejenuhan penularan

Titik Keseimbangan

Titik keseimbangan diperoleh dengan menetapkan seluruh turunan terhadap waktu pada sistem (8) bernilai nol, sehingga diperoleh dua jenis

titik keseimbangan, yaitu titik keseimbangan bebas penyakit dan titik keseimbangan endemik.

• Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Titik keseimbangan bebas penyakit diperoleh dengan asumsi tidak terdapat individu terpapar, terinfeksi, maupun karantina, sehingga berlaku

$$E = I = Q = 0. \quad (9)$$

Dengan mensubstitusikan kondisi tersebut ke dalam sistem model, diperoleh titik keseimbangan bebas penyakit:

$$\mathcal{E}_0 = (S^0, V^0, E^0, I^0, Q^0, R^0) \quad (10)$$

Dengan

$$S^0 = \frac{(1 - u_1)\Lambda}{u_2 + \mu},$$

$$V^0 = \frac{\Lambda(u_1\mu + u_2)}{(u_2 + \mu)(u_3 + \mu)}, \quad (11)$$

$$E^0 = I^0 = Q^0 = 0,$$

$$R^0 = \frac{u_3\Lambda(u_1\mu + u_2)}{\mu(u_2 + \mu)(u_3 + \mu)}.$$

• Titik Keseimbangan Endemik

Titik keseimbangan endemik diperoleh dengan asumsi penyakit tetap bertahan di dalam populasi, sehingga berlaku

$$E \neq 0, \quad I \neq 0, \quad Q \neq 0. \quad (12)$$

Dengan menyelesaikan sistem keseimbangan model, diperoleh titik keseimbangan endemik:

$$\mathcal{E}_1 = (S^*, V^*, E^*, I^*, Q^*, R^*) \quad (13)$$

dengan masing-masing kompartemen dinyatakan sebagai fungsi dari I^* , sedangkan nilai I^* diperoleh dari persamaan polinomial:

$$A_3 I^{*3} + A_2 I^{*2} + A_1 I^* + A_0 = 0. \quad (14)$$

Karena $A_0 = 0$, persamaan dapat difaktorkan menjadi

$$I^*(A_3 I^{*2} + A_2 I^* + A_1) = 0. \quad (15)$$

Solusi $I^* = 0$ merepresentasikan titik keseimbangan bebas penyakit, sedangkan titik keseimbangan endemik diperoleh dari solusi positif persamaan kuadrat yang dihasilkan. Karena bentuk koefisien polinomial cukup kompleks, penyelesaian nilai I^* dilakukan secara numerik.

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar R_0 ditentukan menggunakan metode NGM (Diekmann dkk., 2009) dengan bentuk

$$K_L = -T\Sigma^{-1}. \quad (16)$$

Kompartemen yang terlibat dalam proses penularan adalah *exposed* (E), *infected* (I), dan *quarantined* (Q), sehingga subsistem terinfeksi diberikan oleh

$$\begin{aligned} \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{1+mI} + \frac{(1-\xi)\beta VI}{1+mI} - (\alpha + \mu)E, \\ \frac{dI}{dt} &= (1-p)\alpha E - (\eta + \gamma_1 + \mu)I, \\ \frac{dQ}{dt} &= p\alpha E + \eta I - (\gamma_2 + \mu)Q. \end{aligned} \quad (17)$$

Sistem kemudian dilinierkan di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit ($S^0, V^0, E^0, I^0, Q^0, R^0$), sehingga diperoleh matriks transmisi T dan matriks transisi Σ :

$$T = \begin{pmatrix} 0 & \beta(S^0 + (1-\xi)V^0) & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad (18)$$

$$\Sigma = \begin{pmatrix} -(\alpha + \mu) & 0 & 0 \\ (1-p)\alpha & -(\eta + \gamma_1 + \mu) & 0 \\ p\alpha & \eta & -(\gamma_2 + \mu) \end{pmatrix}.$$

Berdasarkan nilai eigen dominan dari matriks K_L , diperoleh bilangan reproduksi dasar:

$$R_0 = \frac{\beta(S^0 + (1-\xi)V^0)(1-p)\alpha}{(\alpha + \mu)(\eta + \gamma_1 + \mu)}. \quad (19)$$

Dengan mensubstitusikan nilai S^0 dan V^0 , diperoleh

$$R_0 = \frac{\beta \left(\frac{(1-u_1)\Lambda}{u_2 + \mu} + (1-\xi) \frac{\Lambda(u_1\mu + u_2)}{(u_2 + \mu)(u_3 + \mu)} \right) (1-p)\alpha}{(\alpha + \mu)(\eta + \gamma_1 + \mu)}. \quad (20)$$

Analisis Kestabilan

- Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dianalisis menggunakan linearisasi sistem di sekitar titik $\mathcal{E}_0 = (S^0, V^0, E^0, I^0, Q^0, R^0)$ melalui matriks Jacobian. Dengan mengevaluasi matriks Jacobian pada titik kesetimbangan

bebas penyakit, diperoleh persamaan karakteristik:

$$\begin{aligned} &(\mu + \lambda)(\gamma_2 + \mu + \lambda)(u_3 + \mu + \lambda)(u_2 + \mu + \lambda) \\ &\times [(\alpha + \mu + \lambda)(\eta + \gamma_1 + \mu + \lambda) - (\beta S^0 + (1 - \xi)\beta V^0)(1 - p)\alpha] = 0. \end{aligned} \quad (21)$$

Dari persamaan karakteristik tersebut diperoleh empat nilai eigen pertama, yaitu

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\mu, \\ \lambda_2 &= -(\gamma_2 + \mu), \\ \lambda_3 &= -(u_3 + \mu), \\ \lambda_4 &= -(u_2 + \mu), \end{aligned} \quad (22)$$

yang semuanya bernilai negatif karena seluruh parameter diasumsikan positif. Dua nilai eigen lainnya diperoleh dari persamaan kuadrat:

$$\lambda^2 + (\alpha + 2\mu + \eta + \gamma_1)\lambda + (\alpha + \mu)(\eta + \gamma_1 + \mu)(1 - R_0) = 0. \quad (22)$$

Persamaan kuadrat tersebut menghasilkan dua nilai eigen, yaitu $\lambda_{5,6}$. Karena seluruh parameter diasumsikan bernilai positif, maka empat nilai eigen pertama bernilai negatif. Oleh karena itu, kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit ditentukan oleh tanda $\lambda_{5,6}$. Agar kedua nilai eigen tersebut bernilai negatif, harus berlaku $(1 - R_0) > 0$ atau ekuivalen dengan $R_0 < 1$. Dengan demikian, titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal untuk $R_0 < 1$.

- Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan Endemik

Analisis kestabilan titik kesetimbangan endemik dilakukan dengan melinearisasi sistem di sekitar titik kesetimbangan endemik menggunakan matriks Jacobian. Matriks Jacobian kemudian dievaluasi pada titik $\mathcal{E}_1 = (S^*, V^*, E^*, I^*, Q^*, R^*)$ sehingga diperoleh persamaan karakteristik:

$$(\mu + \lambda)(\gamma_2 + \mu + \lambda)(\lambda^4 + a_3\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0) = 0. \quad (23)$$

Dari persamaan tersebut diperoleh dua nilai eigen pertama, yaitu

$$\lambda_1 = -\mu, \quad \lambda_2 = -(\gamma_2 + \mu), \quad (24)$$

yang bernilai negatif karena seluruh parameter diasumsikan positif. Empat nilai eigen lainnya diperoleh dari polinom karakteristik orde empat:

$$P_4(\lambda) = \lambda^4 + a_3\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0. \quad (25)$$

Kestabilan titik kesetimbangan endemik dianalisis menggunakan kriteria Routh-Hurwitz. Tabel Routh-Hurwitz untuk polinom karakteristik tersebut disajikan pada tabel berikut.

Tabel 4. Tabel Routh-Hurwitz

λ^4	1	a_2	a_0
λ^3	a_3	a_1	0
λ^2	$\frac{a_3a_2 - a_1}{a_3}$	a_0	0
λ^1	$\frac{(a_3a_2 - a_1)a_1 - a_3^2a_0}{a_3a_2 - a_1}$	0	0
λ^0	a_0	0	0

Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz, sistem bersifat stabil apabila seluruh elemen pada kolom pertama tabel bernilai positif, yaitu:

$$\begin{aligned} a_3 &> 0, \\ a_3a_2 - a_1 &> 0, \\ (a_3a_2 - a_1)a_1 - a_3^2a_0 &> 0, \\ a_0 &> 0. \end{aligned} \quad (26)$$

Namun, karena bentuk koefisien a_0 , a_1 , a_2 , dan a_3 sangat kompleks serta melibatkan banyak parameter model, analisis kestabilan titik kesetimbangan endemik selanjutnya dilakukan secara numerik menggunakan nilai parameter tertentu.

Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan untuk menggambarkan dinamika populasi pada setiap kompartemen berdasarkan sistem persamaan (8),

sekaligus memverifikasi hasil analisis kestabilan yang telah diperoleh secara analitik. Simulasi dilakukan menggunakan Python melalui platform Google Colab. Nilai awal yang digunakan pada simulasi adalah $S(0) = 7 \times 10^6$, $V(0) = 2 \times 10^6$, $E(0) = 5 \times 10^5$, $I(0) = 3 \times 10^5$, $Q(0) = 2 \times 10^5$, dan $R(0) = 4.67629 \times 10^5$.

• Simulasi Numerik Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

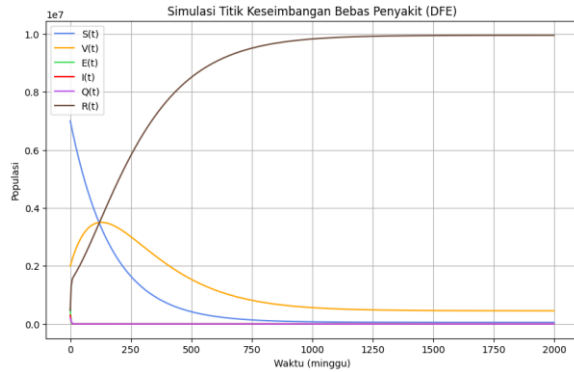
Nilai parameter yang digunakan pada simulasi titik kesetimbangan bebas penyakit disajikan pada berikut.

Tabel 5. Nilai Parameter pada 8 DFE

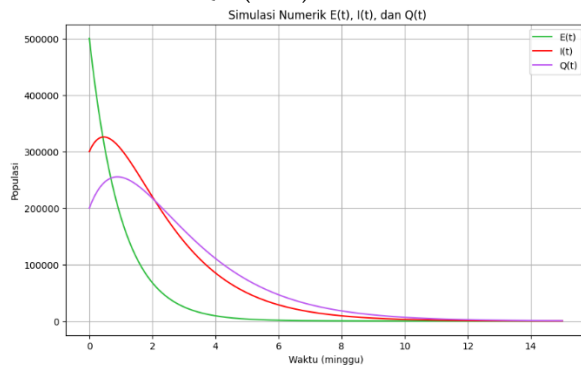
Parameter	Nilai	Referensi
Λ	$\frac{10467629}{72.67 \times 53}$	Aldila dkk. (2025)
β	5.0451×10^{-7}	Aldila dkk. (2025)
u_1	0.8848	Aldila dkk. (2025)
u_2	0.0056	Aldila dkk. (2025)
u_3	0.0057	Aldila dkk. (2025)
ξ	0.95	Aldila dkk. (2025)
α	1	Aldila dkk. (2025)
p	0.3941	Aldila dkk. (2025)
η	0.2544	Aldila dkk. (2025)
γ_1	$\frac{7}{21}$	Aldila dkk. (2025)
γ_2	0.6273	Aldila dkk. (2025)
μ	$\frac{1}{72.67 \times 53}$	Aldila dkk. (2025)
m	0.01	Adebimpe dkk. (2022)

Berdasarkan nilai parameter tersebut diperoleh nilai $R_0 = 0.03956 < 1$. Selain itu, seluruh nilai eigen yang diperoleh bernilai negatif, sehingga titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal. Hasil simulasi numerik model

SVEIQR pada kondisi bebas penyakit ditunjukkan pada gambar berikut.



Gambar 4. Hasil Simulasi Numerik Model SVEIQR (DFE)



Gambar 5. Hasil Simulasi Numerik $E(t)$, $I(t)$, dan $Q(t)$ pada Model SVEIQR (DFE)

Secara keseluruhan, hasil simulasi menunjukkan bahwa kompartemen terpapar $E(t)$, terinfeksi $I(t)$, dan karantina $Q(t)$ menurun hingga mendekati nol dalam waktu yang relatif singkat. Sementara itu, kompartemen rentan $S(t)$, tervaksinasi $V(t)$, dan pulih $R(t)$ cenderung menuju nilai konstan seiring bertambahnya waktu. Kondisi ini menunjukkan bahwa penyebaran penyakit tidak dapat bertahan dalam populasi sehingga sistem bergerak menuju titik kesetimbangan bebas penyakit.

Hasil simulasi tersebut konsisten dengan hasil analisis kestabilan sebelumnya, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit

$$\begin{aligned}\mathcal{E}_0 &= (S^0, V^0, E^0, I^0, Q^0, R^0) \\ &= (5.343169512 \times 10^4, 4.537063522 \times 10^5, 0, \\ &\quad 0, 0, 9.960490951 \times 10^6)\end{aligned}\quad (27)$$

bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 < 1$. Dengan demikian, pada kondisi ini penyakit campak tidak dapat bertahan di dalam populasi.

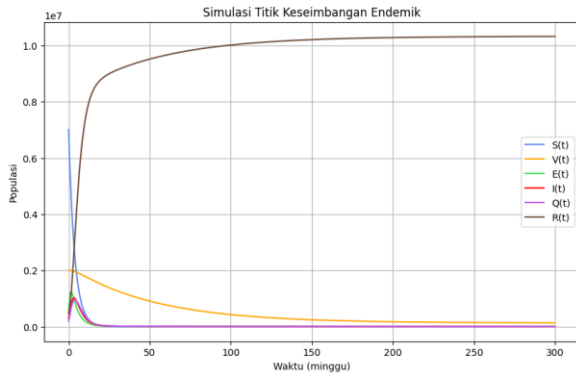
- Simulasi Numerik Titik Kesetimbangan Endemik

Pada simulasi numerik titik kesetimbangan endemik, digunakan nilai parameter yang sama seperti pada Tabel 4, dengan penyesuaian pada parameter laju penularan β . Nilai β ditingkatkan menjadi 2.625×10^{-3} berdasarkan McNichol dkk. (2025) sehingga memenuhi kondisi $R_0 > 1$. Penyesuaian tersebut dilakukan untuk menggambarkan kondisi ketika penyakit masih dapat menyebar dan bertahan dalam populasi.

Hasil perhitungan menunjukkan bahwa diperoleh nilai $R_0 = 205.838741 > 1$. Selain itu, penyelesaian numerik terhadap persamaan endemik menghasilkan solusi positif $I^* = 1997.412292$, sehingga titik kesetimbangan endemik eksis secara biologis. Nilai tersebut selanjutnya digunakan untuk menentukan nilai S^* , V^* , E^* , Q^* , dan R^* .

Analisis kestabilan menunjukkan bahwa dua nilai eigen pertama, yaitu $\lambda_1 = -0.000260$ dan $\lambda_2 = -0.627560$, bernilai negatif. Sementara itu, kestabilan empat nilai eigen lainnya dianalisis menggunakan kriteria Routh-Hurwitz pada polinom karakteristik orde empat. Diperoleh koefisien $a_3 = 1.862556$, $a_2 = 1.000489$, $a_1 = 0.162540$, dan $a_0 = 0.002741$, yang seluruhnya bernilai positif. Selain itu, diperoleh $\frac{a_3 a_2 - a_1}{a_3} = 0.913222$ dan $\frac{(a_3 a_2 - a_1) a_1 - a_3^2 a_0}{a_3 a_2 - a_1} = 0.156949$, yang juga bernilai positif. Dengan demikian, seluruh syarat kriteria Routh-Hurwitz terpenuhi sehingga titik kesetimbangan endemik bersifat stabil asimtotik lokal.

Hasil simulasi numerik model pada kondisi endemik ditunjukkan pada gambar berikut.



Gambar 6. Hasil Simulasi Numerik Model SVEIQR (Endemik)

Secara keseluruhan, hasil simulasi menunjukkan bahwa seluruh kompartemen cenderung mendekati nilai keseimbangan masing-masing seiring bertambahnya waktu. Kompartemen terpapar $E(t)$, terinfeksi $I(t)$, dan karantina $Q(t)$ pada awalnya mengalami peningkatan hingga mencapai nilai maksimum, kemudian menurun dan bertahan pada nilai positif tertentu. Sementara itu, kompartemen rentan $S(t)$ dan tervaksinasi $V(t)$ menurun menuju nilai konstan, sedangkan kompartemen sembuh $R(t)$ meningkat hingga mendekati kondisi stabil. Kondisi ini menunjukkan bahwa penyakit campak tetap bertahan dalam populasi sehingga sistem bergerak menuju titik kesetimbangan endemik.

Hasil simulasi tersebut konsisten dengan hasil analisis kestabilan sebelumnya, yaitu titik kesetimbangan endemik

$$\begin{aligned} \mathcal{E}_1 &= (S^*, V^*, E^*, I^*, Q^*, R^*) \\ &= (1.223754121 \times 10^3, 1.306451420 \times 10^5, \\ &\quad 1.938379913 \times 10^3, 1.997412292 \times 10^3, \\ &\quad 2.026990159 \times 10^3, 1.032979732 \times 10^7) \end{aligned} \quad (28)$$

yang menunjukkan bahwa seluruh kompartemen bernilai positif pada keadaan setimbang. Dengan demikian, sistem model SVEIQR cenderung menuju titik kesetimbangan endemik, sehingga penyakit campak tetap bertahan dalam populasi dalam jangka panjang.

Berdasarkan hasil simulasi numerik, terdapat perbedaan dinamika antara model SVE_1E_2IQR dengan bilinear incidence yang dikaji oleh Aldila dkk. (2025) dan model SVEIQR dengan *saturated*

incidence pada penelitian ini. Pada kondisi bebas penyakit, kedua model sama-sama menuju kondisi bebas penyakit, tetapi model SVEIQR menunjukkan peningkatan jumlah individu terinfeksi yang lebih signifikan pada fase awal.

Pada kondisi endemik, model SVE_1E_2IQR menunjukkan osilasi sebelum mencapai keadaan setimbang, sedangkan model SVEIQR cenderung menuju titik kesetimbangan secara lebih cepat tanpa osilasi yang berarti. Hal ini menunjukkan bahwa penggunaan *saturated incidence* dan perubahan struktur model memengaruhi karakter dinamika sistem.

PENUTUP

SIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, berhasil dikonstruksi model matematika penyebaran campak dengan intervensi vaksinasi dan karantina menggunakan bentuk *saturated incidence rate* ke dalam enam kompartemen, yaitu *susceptible* (S), *vaccinated* (V), *exposed* (E), *infected* (I), *quarantined* (Q), dan *removed/recovered* (R). Dari model yang diperoleh, ditemukan dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit $\mathcal{E}_0$ dan titik kesetimbangan endemik $\mathcal{E}_1$. Selanjutnya, melalui metode Next Generation Matrix (NGM), diperoleh bilangan reproduksi dasar

$$R_0 = \frac{\beta \left(\frac{(1-u_1)\Lambda}{u_2+\mu} + (1-\xi) \frac{\Lambda(u_1\mu+u_2)}{(u_2+\mu)(u_3+\mu)} \right) (1-p)\alpha}{(\alpha+\mu)(\eta+\gamma_1+\mu)}. \quad (29)$$

Hasil analisis kestabilan menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 < 1$, sedangkan titik kesetimbangan endemik bersifat stabil asimtotik lokal berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz. Selain itu, hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa pada kondisi $R_0 < 1$, sistem menuju titik kesetimbangan bebas penyakit sehingga penyakit campak tidak dapat bertahan dalam populasi. Kondisi tersebut diperoleh ketika digunakan nilai laju penularan yang relatif kecil, yaitu $\beta = 5.0451 \times 10^{-7}$, sehingga jumlah individu terinfeksi menurun hingga mendekati nol. Sebaliknya, ketika nilai laju penularan ditingkatkan menjadi $\beta = 2.625 \times 10^{-3}$, diperoleh $R_0 > 1$ sehingga sistem menuju titik kesetimbangan

endemik yang menunjukkan bahwa penyakit campak tetap bertahan dalam populasi dalam jangka panjang. Selain itu, penggunaan *saturated incidence rate* menghasilkan dinamika sistem yang cenderung mencapai kondisi stabil tanpa osilasi yang berkepanjangan.

SARAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, model SVEIQR yang dikembangkan masih dapat diperluas pada penelitian selanjutnya. Salah satu pengembangan yang dapat dilakukan adalah menambahkan kompartemen khusus bagi individu yang telah menerima vaksin dosis kedua, sehingga perbedaan tingkat kekebalan antara individu yang menerima vaksin dosis pertama dan dosis kedua dapat direpresentasikan secara lebih rinci dalam model. Selain itu, penelitian selanjutnya juga dapat menggunakan bentuk fungsi penularan lain selain *saturated incidence rate* untuk membandingkan pengaruh berbagai bentuk laju penularan terhadap dinamika penyebaran penyakit campak.

DAFTAR PUSTAKA

- Adebimpe, O., Adeyemo, O., Oladejo, N., Oludoun, O., Abiodun, O., Gbadamosi, B., & Adesina, I. (2022). Dynamical Modeling of Measles with Different Saturated Incidence Rate. *Lecture Notes in Networks and Systems*, 217, 503–516. https://doi.org/10.1007/978-981-16-2102-4_47
- Aldila, D., Hassan, A. H., Chukwu, C. W., Tchoumi, S. Y., & Noor Aziz, M. H. (2025). Evaluating vaccination and quarantine for measles intervention strategy in Jakarta, Indonesia through mathematical modeling. *Partial Differential Equations in Applied Mathematics*, 14. <https://doi.org/10.1016/j.padiff.2025.101191>
- Alsulaiman, J. W., Kheirallah, K. A., Alrawashdeh, A., Sanad, Z. A., Al-Mnayyis, A. M., Yassin, A., Rawabdeh, M. I., & Alzoubi, H. (2025). Clinical and Demographic Characteristics of Hospitalized Pediatric Measles Cases; The 2023 Outbreak in Northern Jordan. *Infection and Drug Resistance*, 18, 1773–1783. <https://doi.org/10.2147/IDR.S518009>
- Baba, I. A., & Hincal, E. (2017). Global stability analysis of two-strain epidemic model with bilinear and non-monotone incidence rates. *European Physical Journal Plus*, 132(5). <https://doi.org/10.1140/epjp/i2017-11476-x>
- Banerjee, E., Paul, P., Griffith, J., Laine, E., Como-Sabetti, K., & Gastañaduy, P. A. (2021). Impact of Isolation and Exclusion as a Public Health Strategy to Contain Measles Virus Transmission during a Measles Outbreak. *Clinical Infectious Diseases*, 75(1), 152–154. <https://doi.org/10.1093/cid/ciab939>
- Boyce, W. E., Diprima, R. C., & Meade, D. B. (2017). *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems* (11 ed.). John Wiley & Sons, Inc. www.wileyplus.com
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical Models in Epidemiology* (Vol. 69). Springer Science Business Media, LLC. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9>
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Roberts, M. G. (2009). The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface*, 7, 873–885. <https://doi.org/10.1098/rsif.2009.0386>
- Guerra, F. M., Bolotin, S., Lim, G., Heffernan, J., Deeks, S. L., Li, Y., & Crowcroft, N. S. (2017). The basic reproduction number (R₀) of measles: a systematic review. *The Lancet Infectious Diseases*, 17(12). [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(17\)30307-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(17)30307-9)
- Ibrahim, M. A., & Dénes, A. (2023). Stability and Threshold Dynamics in a Seasonal Mathematical Model for Measles Outbreaks with Double-Dose Vaccination. *Mathematics*, 11(8). <https://doi.org/10.3390/math11081791>
- Kemenkes. (2025, Agustus 26). KLB Campak Meningkat, Kemenkes Ingatkan Pentingnya Imunisasi Lengkap. <https://kemkes.go.id/id/klb-campak-meningkat-kemenkes-ingatkan-pentingnya-imunisasi-lengkap>
- Kuhl, E. (2021). *Computational Epidemiology*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-82890-5>
- MacKechnie, G. P. D., Dalton, M., Delport, D., & Vaccher, S. (2025). Using Measles Outbreaks to Identify Under-Resourced Health Systems in Low- and Middle-Income Countries: A Predictive Model. *Vaccines*, 13(4). <https://doi.org/10.3390/vaccines13040367>
- Martcheva, M. (2015). *An Introduction to Mathematical Epidemiology* (Vol. 61). Springer US. <https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7612-3>
- Mathur, K. S., & Narayan, P. (2018). Dynamics of an SVEIRS Epidemic Model with Vaccination and Saturated Incidence Rate. *International Journal of Applied and Computational Mathematics*, 4(5). <https://doi.org/10.1007/s40819-018-0548-0>
- McNichol, J., Valizadeh, J., Chaudhury, S., & Colijn, C. (2025). Measles in Canada: modelling

- outbreaks with variable vaccine coverage and interventions. *BMC Infectious Diseases*, 25(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-025-10564-8>
- Mengistu, A. K., & Witbooi, P. J. (2020). Mathematical analysis of TB model with vaccination and saturated incidence rate. *Abstract and Applied Analysis*, 2020. <https://doi.org/10.1155/2020/6669997>
- Nguyen, M. M. (2024). Upper bounds on overshoot in SIR models with nonlinear incidence. *npj Complexity*, 1(1). <https://doi.org/10.1038/s44260-024-00010-2>
- Ochwach, J. O., & Okongo, M. O. (2023). On Basic Reproduction Number R_0 : Derivation and Application. *Journal of Engineering and Applied Sciences Technology*, 5, 1–14. [https://doi.org/10.47363/JEAST/2023\(5\)173](https://doi.org/10.47363/JEAST/2023(5)173)
- Older, G. J., Van Der Woude, J. W., Maks, J. G., & Jeltsema, D. (2011). *Mathematical Systems Theory* (4 ed.). VSSD. <http://www.vssd.nl/hlf/a003.htm>
- Pathak, S., & Kota, V. R. (2025). Mathematical Analysis of an Infectious Disease Model: Stability, Persistence, and Equilibrium Analysis in a Non-Linear Epidemiological System. *Journal of Nonlinear Mathematical Physics*, 32. <https://doi.org/10.1007/s44198-025-00333-1>
- Samsudin, E. Z., Yasin, S. M., Ruslan, N. H., Abdullah, N. N., Noor, A. F. A., & Hair, A. F. A. (2024). Socioeconomic impacts of airborne and droplet-borne infectious diseases on industries: a systematic review. *BMC Infectious Diseases*, 24(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-024-08993-y>
- WHO. (2022, April 27). *UNICEF and WHO warn of perfect storm of conditions for measles outbreaks, affecting children*. <https://www.who.int/news/item/27-04-2022-unicef-and-who-warn-of--perfect-storm--of-conditions-for-measles-outbreaks--affecting-children>
- WHO. (2024, November 14). *Measles cases surge worldwide, infecting 10.3 million people in 2023*. <https://www.who.int/news/item/14-11-2024-measles-cases-surge-worldwide--infecting-10.3-million-people-in-2023>
- Wiggins, S. (2000). *Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos* (2 ed.). Springer.