

ANALISIS DINAMIK MODEL PENYEBARAN PENYAKIT CAMPAK DENGAN VAKSINASI DOSIS GANDA DAN PENGARUH FAKTOR LINGKUNGAN

Ahmad Haris Febrianto

Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya

e-mail: ahmadharis.22007@mhs.unesa.ac.id

Abadi

Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya

e-mail: abadi@unesa.ac.id

Abstrak

Penyakit campak merupakan penyakit menular yang dapat menyebar melalui kontak langsung maupun melalui lingkungan yang terkontaminasi virus, sehingga diperlukan pendekatan matematis untuk memahami dinamika penyebarannya. Penelitian ini bertujuan untuk mengonstruksi, menganalisis kestabilan titik kesetimbangan, serta melakukan simulasi model SV_1V_2RIP pada penyebaran penyakit campak dengan mempertimbangkan vaksinasi dosis ganda dan faktor lingkungan. Metode penelitian yang digunakan adalah studi literatur dengan mengadaptasi model $SVIRP$ (Alemneh & Belay, 2023), yang mengandung kompartemen patogen dan model SV_1V_2IR (Tilahun et al., 2020) yang menerapkan vaksinasi dua dosis. Analisis dilakukan dengan menentukan titik kesetimbangan, menghitung bilangan reproduksi dasar (R_0) menggunakan metode Next Generation Matrix, serta mengkaji kestabilan titik kesetimbangan melalui matriks Jacobian dan kriteria Routh-Hurwitz. Selanjutnya, simulasi numerik dilakukan menggunakan perangkat lunak Matlab R2023a untuk mendukung hasil analisis teoritis. Analisis kestabilan menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik lokal jika $R_0 < 1$. Simulasi numerik dengan parameter $\beta_2 = 0.2$ menghasilkan $R_0 = 0.6038$ sehingga penyakit hilang, sedangkan dengan parameter $\beta_2 = 0.9$ menghasilkan $R_0 = 2.1694$ yang menunjukkan kondisi endemik. Secara keseluruhan, penelitian ini menyimpulkan bahwa vaksinasi dua dosis yang efektif serta isolasi penderita berperan penting dalam menekan penyebaran penyakit campak. Untuk pengembangan selanjutnya, disarankan agar model memasukkan faktor musiman serta divalidasi menggunakan data riil agar hasil yang diperoleh lebih representatif terhadap kondisi lapangan.

Kata Kunci: Campak, Model SV_1V_2RIP , Vaksinasi Dosis Ganda, Patogen, Bilangan Reproduksi Dasar, Simulasi Numerik.

Abstract

Measles is an infectious disease that can spread through direct contact as well as through environments contaminated with the virus, making a mathematical approach necessary to understand its transmission dynamics. This study aims to construct, analyze the stability of equilibrium points, and simulate the SV_1V_2RIP model of measles transmission by incorporating double-dose vaccination and environmental factors. The research method is a literature study by adapting the $SVIRP$ model (Alemneh & Belay, 2023), which includes a pathogen compartment, and the SV_1V_2IR model (Tilahun et al., 2020), which applies a two-dose vaccination strategy. The analysis is carried out by determining equilibrium points, calculating the basic reproduction number (R_0) using the Next Generation Matrix method, and examining stability through the Jacobian matrix and Routh-Hurwitz criteria. Numerical simulations are performed using Matlab R2023a to support the theoretical analysis. The stability analysis shows that the disease-free equilibrium is locally asymptotically stable when $R_0 < 1$. Simulation results indicate that for parameter values $\beta_2 = 0.2$, $R_0 = 0.6038$, leading to disease elimination, while for $\beta_2 = 0.9$, $R_0 = 2.1694$, indicating an endemic condition. Overall, the study concludes that effective two-dose vaccination and isolation of infected individuals play an important role in reducing measles transmission. Future research is recommended to incorporate seasonal factors and validate the model using real data to obtain results that better reflect real-world conditions.

Keywords: Measles, SV_1V_2RIP Model, Double-Dose Vaccination, Pathogen, Basic Reproduction Number, Numerical Simulation.

PENDAHULUAN

Perkembangan ilmu pengetahuan dan teknologi telah mendorong kemajuan penelitian di berbagai bidang, termasuk bidang kesehatan. Dalam bidang

ini, epidemiologi berperan penting dalam mempelajari distribusi, frekuensi, dan faktor-faktor yang memengaruhi penyebaran penyakit pada suatu populasi. Melalui pendekatan epidemiologi, dinamika penularan penyakit dapat dipahami

sehingga strategi pencegahan dan pengendalian dapat dirancang secara lebih efektif (Irwan, 2017). Salah satu permasalahan kesehatan yang masih menjadi perhatian global adalah penyakit menular, mengingat penyebarannya yang cepat dapat memicu kejadian luar biasa hingga wabah di suatu wilayah.

Campak merupakan penyakit menular yang masih menjadi masalah kesehatan masyarakat, terutama di negara berkembang. Penyakit ini disebabkan oleh virus genus *Morbillivirus* dari famili *Paramyxoviridae* dan menular sangat cepat melalui droplet saat penderita batuk, bersin, atau bernapas. Virus juga dapat bertahan di udara maupun permukaan benda terkontaminasi hingga dua jam, sehingga memungkinkan penularan tidak langsung. Tingginya kemampuan transmisi menjadikan campak sebagai salah satu penyakit paling menular, dengan satu penderita dapat menginfeksi sebagian besar individu rentan di sekitarnya (World Health Organization, 2025).

Campak dapat menyebabkan demam, batuk, pilek, konjungtivitis, dan ruam kulit, serta komplikasi serius seperti pneumonia, ensefalitis, diare berat, infeksi telinga, hingga kebutaan dan kematian, terutama pada anak-anak (Centers for Disease Control and Prevention, 2024). arena belum tersedia antivirus spesifik, penanganannya bersifat suportif dan vaksinasi menjadi pencegahan paling efektif. Berdasarkan rekomendasi Ikatan Dokter Anak Indonesia, imunisasi campak diberikan dalam dua dosis, yaitu dosis pertama pada usia 9 bulan dan dosis kedua pada usia 2 tahun, atau melalui vaksin Measles-Mumps-Rubella (MMR) sesuai program imunisasi nasional (Ikatan Dokter Anak Indonesia, 2014).

Selain vaksinasi, pemodelan matematika banyak digunakan sebagai pendekatan untuk memahami dinamika penyebaran penyakit menular. Model matematika menggambarkan interaksi antar subpopulasi dalam bentuk sistem persamaan diferensial, sehingga karakteristik penyebaran penyakit, kestabilan sistem, bilangan reproduksi dasar, serta efektivitas strategi pengendalian dapat dianalisis secara kuantitatif (Natasya et al., 2024). Beberapa contoh peneliti yang memodelkan matematika penyakit menular yakni penelitian (Kudryashov et al., 2021) dengan judul "*Analytical Features of The SIR Model and Their Applications to COVID-19*" dan penelitian oleh (Mwalili et al., 2020)

dengan judul "*SEIR Model for COVID-19 Dynamics Incorporating The Environment and Social Distancing*".

Berbagai penelitian mengenai pemodelan matematika penyebaran campak telah dikembangkan dengan karakteristik yang berbeda. (Tilahun et al., 2020) mengembangkan model stokastik dengan vaksinasi dua dosis yang membagi populasi ke dalam kompartemen *susceptible*, vaksin dosis pertama, vaksin dosis kedua, *infected*, dan *recovered*, serta menunjukkan bahwa vaksinasi dua dosis lebih efektif dibandingkan satu dosis. Sementara itu, (Alemneh & Belay, 2023) mengembangkan model yang menambahkan kompartemen *pathogen* sehingga penularan dapat terjadi tidak hanya melalui kontak langsung, tetapi juga melalui virus yang bertahan di udara maupun pada permukaan benda yang terkontaminasi.

Berdasarkan tinjauan literatur, sebagian besar model penyebaran campak masih berfokus pada vaksinasi dosis ganda atau keberadaan virus di lingkungan secara terpisah, padahal keduanya berperan dalam dinamika penularan. Oleh karena itu, penelitian ini mengintegrasikan model (Alemneh & Belay, 2023) dengan model (Tilahun et al., 2020) menjadi model baru yang terdiri atas enam kompartemen, yaitu rentan (S), vaksinasi dosis pertama (V_1), vaksinasi dosis kedua (V_2), *removed* (R), terinfeksi (I), dan patogen (P). Kompartemen *exposed* (E) tidak disertakan sehingga model berfokus pada penularan langsung melalui individu terinfeksi dan penularan tidak langsung melalui virus di lingkungan. Model ini dikembangkan untuk menganalisis dinamika penyebaran campak dengan mempertimbangkan vaksinasi dosis ganda dan faktor lingkungan secara lebih komprehensif.

KAJIAN TEORI

PENYAKIT CAMPAK

Campak merupakan penyakit menular yang sangat infeksius (*highly contagious*) yang disebabkan oleh virus genus *Morbillivirus* dan famili *Paramyxoviridae*. Penularan penyakit ini terjadi melalui droplet yang dikeluarkan penderita saat batuk, bersin, atau bernapas. Selain melalui kontak langsung, virus campak dapat bertahan di udara maupun pada permukaan benda yang terkontaminasi hingga sekitar dua jam sehingga memungkinkan terjadinya penularan tidak

langsung. Tingkat penularan campak sangat tinggi, di mana satu penderita dapat menularkan penyakit kepada sembilan dari sepuluh individu rentan yang berada di sekitarnya (World Health Organization, 2025).

Gejala campak diawali dengan demam tinggi, batuk, pilek, konjungtivitis, dan bercak koplik, kemudian diikuti ruam makulopapular yang menyebar ke seluruh tubuh. Penyakit ini dapat menimbulkan komplikasi serius, seperti pneumonia, ensefalitis, diare berat, infeksi telinga, hingga kebutaan yang berpotensi menyebabkan kematian, terutama pada anak-anak (Halim, 2016). Hingga saat ini belum tersedia terapi antivirus spesifik, sehingga vaksinasi menjadi upaya pencegahan yang paling efektif.

WAKSINASI

Vaksinasi merupakan upaya pencegahan penyakit menular melalui pemberian antigen yang mampu merangsang pembentukan kekebalan tubuh terhadap suatu penyakit. Pada penyakit campak digunakan vaksin campak maupun vaksin *Measles-Mumps-Rubella* (MMR) yang mengandung virus hidup yang telah dilemahkan (Nurhasanah, 2023). Berdasarkan rekomendasi Ikatan Dokter Anak Indonesia, imunisasi campak diberikan dalam dua dosis, yaitu dosis pertama pada usia 9 bulan dan dosis kedua pada usia 2 tahun atau melalui jadwal vaksin MMR (Ikatan Dokter Anak Indonesia, 2019).

SISTEM PERSAMAAN DIFERENSIAL ORDE PERTAMA

Persamaan diferensial merupakan persamaan yang melibatkan atau menyertakan turunan satu atau lebih variabel tak bebas terhadap variabel bebasnya. Persamaan diferensial dapat diklasifikasikan berdasarkan jumlah variabel bebas yang memengaruhi fungsi. Persamaan Diferensial Biasa (PDB) merupakan persamaan yang hanya memiliki satu variabel bebas. Bentuk umum dari sistem persamaan diferensial biasa berorde-1 adalah sebagai berikut:

$$\mathbf{x}' = \mathbf{f}(\mathbf{x}) \quad (1)$$

dengan mendefinisikan $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T$, $\mathbf{f}(\mathbf{x}) = (f_1(x_1, x_2, \dots, x_n), f_2(x_1, x_2, \dots, x_n), \dots, f_n(x_1, x_2, \dots, x_n))^T$, dengan x merupakan vektor kolom yang berisi variabel-variabel keadaan sistem, dan $\mathbf{f}(\mathbf{x})$

merupakan vektor fungsi yang masing-masing komponennya bergantung pada x (Boyce et al., 2017).

TITIK KESETIMBANGAN

Titik kesetimbangan menggambarkan kondisi dalam ruang keadaan di mana nilai variabel keadaan sistem bersifat konstan terhadap waktu. Titik kesetimbangan pada pemodelan penyebaran penyakit dibagi menjadi dua yaitu:

1. TITIK KESETIMBANGAN BEBAS PENYAKIT

Titik kesetimbangan bebas penyakit didefinisikan sebagai titik di mana tidak ada individu yang terinfeksi penyakit dalam populasi, sehingga penyakit tidak berkembang.

2. TITIK KESETIMBANGAN ENDEMIK

Titik kesetimbangan endemik didefinisikan sebagai titik di mana terdapat individu yang terinfeksi penyakit dalam populasi. Pada titik ini, jumlah individu yang rentan dan terinfeksi akan mencapai nilai tertentu positif atau ($I \neq 0$), yang menyebabkan penyakit menjadi endemik dalam populasi (Morris, 2010).

LINEARISASI

Linearisasi merupakan metode mengubah persamaan diferensial nonlinier ke persamaan linier supaya sistem persamaan dalam keadaan stabil dengan menggunakan metode Matriks Jacobian dengan turunan parsial fungsi sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{bmatrix} \quad (2)$$

NILAI EIGEN DAN VEKTOR EIGEN

Diberikan $\mathbf{A}$ merupakan matriks $n \times n$ dan $\mathbf{x}$ merupakan vektor eigen dari $\mathbf{A}$ di $\mathbb{R}^n$, sehingga dapat dilambangkan dengan sistem persamaan diferensial

$$\mathbf{Ax} = \mathbf{y} \quad (3)$$

dengan $\mathbf{y} = \lambda \mathbf{x}$, dan λ merupakan nilai eigen atau skalar faktor, maka solusi dari persamaan (2.16) sebagai berikut:

$$(\mathbf{A} - \lambda \mathbf{I})\mathbf{x} = \mathbf{0}, \quad (4)$$

Persamaan (4) memiliki solusi tak nol jika dan hanya jika λ dipilih sehingga

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

Persamaan (5) disebut persamaan karakteristik matriks A serta nilai-nilai λ yang memenuhi persamaan tersebut disebut nilai eigen dari matriks A . Solusi tak-nol dari Persamaan (4) yang dihasilkan oleh nilai λ tersebut dinamakan vektor eigen yang bersesuaian (Anton & Rorres, 2013). Titik kesetimbangan dikatakan stabil asimtotik apabila semua nilai eigen memiliki bagian riil negatif.

KRITERIA ROUTH-HURWITZ

Metode ini memungkinkan analisis kestabilan sistem dilakukan hanya berdasarkan koefisien-koefisien dari persamaan karakteristik $a_0\lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \dots + a_{n-1}\lambda + a_n = 0$, sehingga perhitungan menjadi lebih efisien, terutama pada sistem dengan persamaan karakteristik berhingga. Untuk memastikan kestabilan, kriteria Routh-Hurwitz menggunakan suatu tabel yang disebut dengan *Array Routh* sebagai berikut:

Tabel 1. Kriteria Routh-Hurwitz

λ^n	a_0	a_2	a_4	a_6	...
λ^{n-1}	a_1	a_3	a_5	a_7	...
λ^{n-2}	b_1	b_2	b_3	b_4	...
λ^{n-3}	c_1	c_2	c_3	c_4	...
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$

Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz, suatu sistem dikatakan stabil jika dan hanya jika tidak terdapat perubahan tanda pada elemen-elemen kolom pertama dari *Array Routh*. Metode ini memberikan pendekatan yang efisien untuk menilai kestabilan sistem tanpa perlu menghitung akar-akar polinomial secara langsung (Ogata, 2010).

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Bilangan reproduksi dasar (R_0) merupakan ukuran rata-rata jumlah kasus infeksi sekunder yang ditimbulkan oleh satu individu infeksius dalam populasi yang seluruh anggotanya masih rentan (*susceptible*) terhadap penyakit (Van den Driessche & Watmough, 2008). Terdapat tiga kondisi berdasarkan nilai R_0 , sebagai berikut:

1. Jika $R_0 < 1$, maka rata-rata satu individu yang terinfeksi menularkan penyakit kepada kurang dari satu orang lain. Dalam keadaan ini, penyakit tidak dapat menyebar luas dan

pada akhirnya akan menghilang dari populasi.

2. Jika $R_0 > 1$, maka penyakit berpotensi menyebar karena setiap individu yang terinfeksi mampu menyebabkan lebih dari satu kasus infeksi baru.
3. Jika $R_0 = 1$, maka penyakit akan menyebar secara konstan tidak bertambah maupun berkurang karena setiap individu yang terinfeksi mampu menyebabkan satu kasus infeksi baru.

NEXT GENERATION MATRIX (NGM)

Metode ini sangat berguna untuk menganalisis model dengan banyak kompartemen penyakit yang dikelompokkan berdasarkan status infeksi (Van den Driessche & Watmough, 2008). Dalam penerapannya, Van den Driessche dan Watmough (2008) menguraikan beberapa tahapan sebagai berikut:

1. Misalkan terdapat dua kelas populasi, yakni n kelas yang terinfeksi dan m kelas yang tidak terinfeksi. Selanjutnya, subpopulasi kelas terinfeksi diwakili oleh x , sementara subpopulasi kelas tidak terinfeksi diwakili oleh y , dengan $x, y \in \mathbb{R}^n$ untuk $m, n \in \mathbb{N}$. Maka, sistem dinamisnya dapat dituliskan sebagai:

$$\begin{aligned} \dot{x} &= \mathcal{F}_i(x, y) - \mathcal{V}_i(x, y), \\ \dot{y} &= \eta_j(x, y), \end{aligned} \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad j = 1, 2, \dots, m, \quad (6)$$

dengan $\mathcal{F}_i$ merepresentasikan laju infeksi sekunder pada kelas infeksi, $\mathcal{V}_i$ merepresentasikan laju perkembangan penyakit, kematian, atau kesembuhan yang mengurangi populasi kelas terinfeksi, η_j mewakili parameter-parameter pada subpopulasi yang tidak terinfeksi.

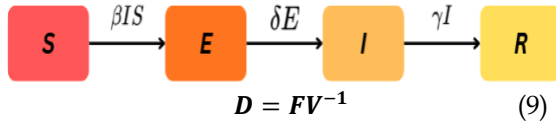
2. Untuk menghitung R_0 , sistem persamaan diferensial pertama dilinearisasi di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit. Persamaan kompartemen terinfeksi yang telah dilinearakan dapat dituliskan sebagai:

$$x' = (F - V)x, \quad (7)$$

di mana F dan V adalah matriks $n \times n$ yang didefinisikan sebagai:

$$F = \frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial u_j}(0, y_0) \text{ dan } V = \frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial u_j}(0, y_0) \quad (8)$$

3. Tahap akhir adalah membentuk *Next Generation Matrix*, yang dinyatakan sebagai:



D disebut *Next Generation Matrix* (NGM) dan nilai R_0 dihitung sebagai ρ , yaitu nilai eigen dominan atau terbesar dari matriks D , yang dapat dituliskan sebagai:

$$R_0 = \rho(D) = \rho(FV^{-1}) \quad (10)$$

di mana ρD menunjukkan radius spektral dari matriks D (Brauer et al., 2019).

MODEL KOMPARTEMEN PENYEBARAN PENYAKIT

Model kompartemen adalah salah satu pendekatan matematika yang banyak digunakan dalam mempelajari dinamika penularan penyakit menular. Model kompartemen pada umumnya diformulasikan menggunakan persamaan diferensial yang menggambarkan laju perubahan jumlah individu dalam setiap kompartemen seiring waktu.

1. MODEL SIR

Dalam populasi tersebut, terdapat tiga subpopulasi yaitu subpopulasi individu yang rentan (*Susceptible*), subpopulasi individu yang terinfeksi dari penyakit (*Infected*), dan subpopulasi individu yang sembuh dari penyakit (*Recovered*) ditandai dengan *SIR* yang merupakan fungsi dari waktu t dan berubah sesuai dengan sistem persamaan diferensial. Menurut (Brauer et al., 2008), diagram alur model *SIR* ditunjukkan sebagai berikut:



Gambar 1. Diagram kompartemen model *SIR*

Dari diagram kompartemen tersebut didapatkan model sistem persamaan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \end{aligned} \quad (11)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

2. MODEL SEIR

Dalam model *SEIR* dengan periode laten, koefisien laju progresi (δ) digunakan untuk menggambarkan kecepatan perpindahan individu dari kompartemen *exposed* (E) ke *infectious* (I) (Ma & Li, 2009). Diagram kompartemen model *SEIR* adalah sebagai berikut:

Dari diagram kompartemen tersebut didapatkan model sistem persamaan sebagai berikut:

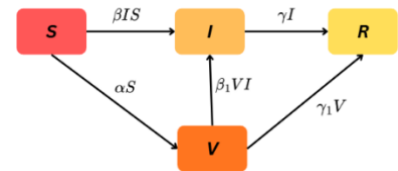
Gambar 2. Diagram kompartemen model *SEIR*

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta IS, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta IS - \delta E, \\ \frac{dI}{dt} &= \delta E - \gamma I, \end{aligned} \quad (12)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I,$$

3. MODEL SVIR

Kompartemen V merupakan kelompok individu rentan yang mendapatkan vaksin. Namun, diasumsikan vaksinasi hanya menghasilkan kekebalan sementara, sehingga individu yang divaksinasi kehilangan kekebalannya dan menjadi rentan terinfeksi setelah jangka waktu tertentu (Ma & Li, 2009). Diagram kompartemen dari model *SVIR* adalah sebagai berikut:



Gambar 3. Diagram kompartemen model *SVIR*

Dari diagram kompartemen tersebut didapatkan model sistem persamaan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta IS - \alpha S, \\ \frac{dV}{dt} &= \alpha S - \beta_1 VI - \gamma_1 V, \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI + \beta_1 VI - \gamma I, \end{aligned} \quad (13)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \gamma_1 V,$$

METODE PENELITIAN

Metode penelitian yang digunakan dalam adalah studi literatur, yaitu metode yang dilakukan untuk mengamati, menganalisis, mendalami, serta mengidentifikasi pengetahuan guna mendukung penelitian. Sumber referensi yang digunakan diantaranya adalah buku referensi, jurnal, artikel, tesis, skripsi, serta sumber dari internet. Tahapan dari penelitian ini adalah: (1) Studi literatur; (2) Menyusun asumsi-asumsi dan batasan masalah; (3) Membangun model dan diagram kompartemen; (4) Menentukan titik kesetimbangan dan bilangan reproduksi dasar (R_0); (5) Menganalisis kestabilan titik kesetimbangan; (6) Melakukan simulasi numerik; (7) Kesimpulan dan saran.

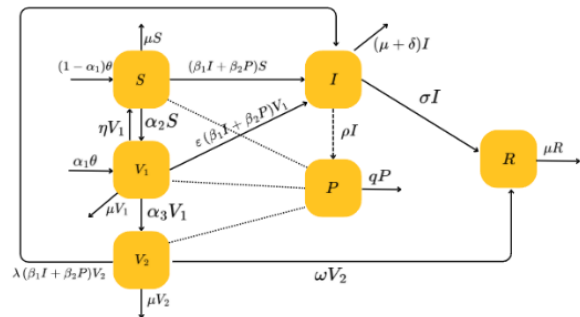
HASIL DAN PEMBAHASAN

KONTRUKSI MODEL MATEMATIKA

Model penelitian ini memodifikasi model SVIRP oleh Alemneh & Belay (2023) dengan mengintegrasikan vaksinasi dosis ganda dari Tilahun et al. (2020), menghasilkan model SV_1V_2RIP . Kompartemen E tidak disertakan sehingga model berfokus pada penularan langsung melalui individu terinfeksi dan tidak langsung melalui virus di lingkungan. Adapun asumsi yang digunakan dalam memodelkan penelitian ini yaitu: (1) Populasi bersifat homogen; (2) Populasi bersifat tertutup; (3) Kematian alami pada tiap populasi, yang berarti kematian selain faktor terinfeksi penyakit campak yang direpresentasikan oleh parameter μ sebagai laju kematian alami; (4) Bayi yang baru lahir berusia kurang dari 9 bulan belum memenuhi syarat usia untuk mendapatkan vaksin dosis pertama, sehingga mereka bersama dengan individu yang lahir dan tidak langsung memperoleh vaksin dosis pertama masuk ke dalam kompartemen S dengan proporsi $(1 - \alpha_1)\theta$; (5) Individu yang lahir dan langsung memperoleh vaksin dosis pertama masuk ke dalam kompartemen V_1 dengan proporsi $\alpha_1\theta$; (6) Individu yang telah menerima vaksin dosis pertama dapat kembali menjadi rentan akibat penurunan efektivitas vaksin dengan laju η ; (7) Individu yang telah divaksinasi dua dosis tidak sepenuhnya kebal dan masih memiliki kemungkinan untuk terinfeksi dengan laju λ ; (8) Individu yang menerima vaksin dua dosis dapat kebal dari penyakit campak, dan

berpindah dari kompartemen V_2 ke kompartemen R dengan laju ω ; (9) Populasi patogen terbentuk dengan laju ρ , yang menggambarkan pelepasan virus ke lingkungan akibat aktivitas individu terinfeksi, seperti batuk dan bersin, serta adanya virus yang menempel pada permukaan benda; (10) Jumlah patogen akan berkurang dengan laju q , yang menunjukkan proses hilangnya atau melemahnya virus di lingkungan; (11) Kompartemen R merepresentasikan individu yang telah sembuh dari infeksi secara alami serta individu yang memiliki kekebalan terhadap penyakit campak.

Berdasar pada uraian dan asumsi-asumsi di atas, maka dapat dibentuk diagram kompartemen untuk model penyebaran penyakit campak dengan vaksinasi dosis ganda dan pengaruh faktor lingkungan sebagai berikut:



Gambar 4. Diagram kompartemen SV_1V_2RIP

Berdasarkan deskripsi dan alur interaksi di atas, maka diperoleh sistem persamaan diferensial non-linear sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= (1 - \alpha_1)\theta + \eta V_1 - \alpha_2 S - (\beta_1 I + \beta_2 P)S - \mu S \\
 \frac{dV_1}{dt} &= \alpha_1 \theta + \alpha_2 S - \eta V_1 - \alpha_3 V_1 - \epsilon(\beta_1 I + \beta_2 P)V_1 - \mu V_1 \\
 \frac{dV_2}{dt} &= \alpha_3 V_1 - \lambda(\beta_1 I + \beta_2 P)V_2 - \omega V_2 - \mu V_2 \\
 \frac{dR}{dt} &= \sigma I + \omega V_2 - \mu R \\
 \frac{dI}{dt} &= (\beta_1 I + \beta_2 P)S + \epsilon(\beta_1 I + \beta_2 P)V_1 + \lambda(\beta_1 I + \beta_2 P)V_2 - (\sigma + \delta + \mu)I \\
 \frac{dP}{dt} &= \rho I - qP
 \end{aligned} \tag{14}$$

dengan

- θ : Laju kelahiran.
- β_1 : Laju penularan penyakit dengan individu yang terinfeksi.
- β_2 : Laju penularan penyakit dengan patogen di udara dan droplet pada benda.
- α_1 : Proporsi vaksinasi dosis pertama.

- α_2 : Laju vaksinasi dosis pertama.
 α_3 : Laju vaksinasi dosis kedua.
 η : Laju penurunan efektivitas vaksinasi.
 μ : Laju kematian alami.
 q : Laju degradasi patogen.
 ε : Laju infeksi pada individu yang telah divaksinasi dosis pertama.
 λ : Laju infeksi pada individu yang telah divaksinasi dosis kedua.
 σ : Laju kesembuhan individu yang terinfeksi.
 ρ : Kontribusi individu yang terinfeksi terhadap populasi patogen.
 ω : Laju perpindahan individu dari subpopulasi yang telah menerima vaksinasi dosis kedua (V_2) dan tidak terinfeksi ke subpopulasi *removed* (R).
 δ : Laju kematian akibat penyakit.

TITIK KESETIMBANGAN

Untuk menentukan titik kesetimbangan pada model penyebaran penyakit campak dapat dilakukan dengan menyamakan sisi kanan dari setiap persamaan dalam sistem persamaan (14) menjadi nol, sehingga diperoleh dua titik kesetimbangan sebagai berikut:

1. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

$$\begin{aligned}
 S^0 &= \frac{\theta(\eta + \alpha_3 - \alpha_1\alpha_3 + \mu - \alpha_1\mu)}{\eta\mu + \alpha_3\mu + \alpha_2\alpha_3 + \alpha_2\mu + \mu^2} \\
 V_1^0 &= \frac{\theta(\alpha_1\mu + \alpha_2)}{\eta\mu + \alpha_3\mu + \alpha_2\alpha_3 + \alpha_2\mu + \mu^2} \\
 V_2^0 &= \frac{\alpha_3\theta(\alpha_1\mu + \alpha_2)}{(\omega + \mu)(\eta\mu + \alpha_3\mu + \alpha_2\alpha_3 + \alpha_2\mu + \mu^2)} \\
 R^0 &= \frac{\omega\alpha_3\theta(\alpha_1\mu + \alpha_2)}{\mu(\omega + \mu)(\eta\mu + \alpha_3\mu + \alpha_2\alpha_3 + \alpha_2\mu + \mu^2)} \\
 I^0 &= 0 \\
 P^0 &= 0
 \end{aligned} \quad (15)$$

2. Titik Kesetimbangan Endemik

$$\begin{aligned}
 S^* &= \frac{\theta \left[\alpha_1\eta + (1 - \alpha_1) \left(\eta + \alpha_3 + \mu + \varepsilon \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right) \right]}{\left[\left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* + \mu + \alpha_2 \right] \left[\eta + \alpha_3 + \mu + \varepsilon \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right] - \alpha_2\eta} \\
 V_1^* &= \frac{\theta \left[\alpha_1 \left(\alpha_2 + \mu + \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right) + \alpha_2(1 - \alpha_1) \right]}{\left[\left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* + \mu + \alpha_2 \right] \left[\eta + \alpha_3 + \mu + \varepsilon \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right] - \alpha_2\eta} \\
 V_2^* &= \frac{\alpha_3\theta \left[\alpha_1 \left(\alpha_2 + \mu + \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right) + \alpha_2(1 - \alpha_1) \right]}{\left(\lambda \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* + \omega + \mu \right) \left[\left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* + \mu + \alpha_2 \right] \left[\eta + \alpha_3 + \mu + \varepsilon \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right] - \alpha_2\eta} \\
 R^* &= \frac{\omega\alpha_3\theta \left[\alpha_1 \left(\alpha_2 + \mu + \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right) + \alpha_2(1 - \alpha_1) \right]}{\mu \left(\lambda \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* + \omega + \mu \right) \left[\left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* + \mu + \alpha_2 \right] \left[\eta + \alpha_3 + \mu + \varepsilon \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) I^* \right] - \alpha_2\eta} \\
 I^* &= I^* \\
 P^* &= \frac{\rho I^*}{q}
 \end{aligned} \quad (16)$$

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Kontruksi NGM dilakukan pada kompartemen yang berperan dalam proses infeksi, yaitu pada kompartemen I dan P . Persamaan diferensial pada kedua kompartemen tersebut adalah:

$$\begin{aligned}
 \frac{dI}{dt} &= (\beta_1 I + \beta_2 P)S + \varepsilon(\beta_1 I + \beta_2 P)V_1 \\
 &\quad + \lambda(\beta_1 I + \beta_2 P)V_2 - (\sigma + \delta + \mu)I \\
 \frac{dP}{dt} &= \rho I - qP
 \end{aligned} \quad (17)$$

Maka diperoleh matriks *Jacobian* $\mathcal{F}$ dan $\mathcal{V}$ sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \mathcal{F} &= \begin{bmatrix} (\beta_1 I + \beta_2 P)S + \varepsilon(\beta_1 I + \beta_2 P)V_1 + \lambda(\beta_1 I + \beta_2 P)V_2 \\ 0 \end{bmatrix} \\
 \mathcal{V} &= \begin{bmatrix} (\sigma + \delta + \mu)I \\ -\rho I + qP \end{bmatrix}
 \end{aligned} \quad (18)$$

Selanjutnya, dilakukan linearisasi di titik kesetimbangan bebas penyakit, maka diperoleh matriks F dan V sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 F &= \begin{pmatrix} \beta_1 S^0 + \varepsilon\beta_1 V_1^0 + \lambda\beta_1 V_2^0 & \beta_2 S^0 + \varepsilon\beta_2 V_1^0 + \lambda\beta_2 V_2^0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \\
 V &= \begin{pmatrix} \sigma + \delta + \mu & 0 \\ -\rho & q \end{pmatrix}
 \end{aligned} \quad (19)$$

Sehingga *Next Generation Matrix*nya diperoleh

$$D = FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0}{\sigma + \delta + \mu} \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right) & \frac{\beta_2(S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0)}{q} \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \quad (20)$$

Maka dapat diperoleh nilai eigennya sebagai berikut:

$$\Lambda_1 = \frac{S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0}{\sigma + \delta + \mu} \left(\beta_1 + \frac{\beta_2\rho}{q} \right), \quad \Lambda_2 = 0 \quad (21)$$

R_0 adalah nilai eigen dominan atau terbesar dari matriks FV^{-1} , sehingga diperoleh R_0 yaitu:

$$R_0 = \left(\frac{\theta \left[(\eta + \alpha_3 - \alpha_1\alpha_3 + \mu - \alpha_1\mu)(\omega + \mu) + (\alpha_2\mu + \alpha_2)(\varepsilon\omega + \varepsilon\mu + \lambda\alpha_3) \right]}{(\eta\mu + \alpha_3\mu + \alpha_2\alpha_3 + \alpha_2\mu + \mu^2)(\omega + \mu)} \right) \left(\frac{\beta_1 q + \beta_2\rho}{q(\sigma + \delta + \mu)} \right) \quad (22)$$

ANALISIS KESTABILAN

Analisis kestabilan titik kesetimbangan dapat dilakukan dengan menghitung nilai eigen dari matriks *Jacobian* yang diperoleh dari sistem persamaan (14). Sehingga diperoleh matriks *Jacobian* sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial V_1} & \frac{\partial f_1}{\partial V_2} & \frac{\partial f_1}{\partial R} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial P} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial V_1} & \frac{\partial f_2}{\partial V_2} & \frac{\partial f_2}{\partial R} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial P} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial V_1} & \frac{\partial f_3}{\partial V_2} & \frac{\partial f_3}{\partial R} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial P} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial V_1} & \frac{\partial f_4}{\partial V_2} & \frac{\partial f_4}{\partial R} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial P} \\ \frac{\partial f_5}{\partial S} & \frac{\partial f_5}{\partial V_1} & \frac{\partial f_5}{\partial V_2} & \frac{\partial f_5}{\partial R} & \frac{\partial f_5}{\partial I} & \frac{\partial f_5}{\partial P} \\ \frac{\partial f_6}{\partial S} & \frac{\partial f_6}{\partial V_1} & \frac{\partial f_6}{\partial V_2} & \frac{\partial f_6}{\partial R} & \frac{\partial f_6}{\partial I} & \frac{\partial f_6}{\partial P} \end{bmatrix} \quad (23)$$

Analisis titik kesetimbangan bebas penyakit dilakukan dengan melakukan substitusi titik kesetimbangan bebas penyakit ke dalam matriks *Jacobian* (23). Sehingga diperoleh matriks *Jacobian* ($J(E^0)$) sebagai berikut:

$$J(E^0) = \begin{bmatrix} -\alpha_2 - \mu & \eta & 0 & 0 & -\beta_1 S^0 & -\beta_2 S^0 \\ \alpha_2 & -\eta - \alpha_3 - \mu & 0 & 0 & -\varepsilon \beta_1 V_1^0 & -\varepsilon \beta_2 V_1^0 \\ 0 & \alpha_3 & -\omega - \mu & 0 & -\lambda \beta_1 V_2^0 & -\lambda \beta_2 V_2^0 \\ 0 & 0 & \omega & -\mu & \sigma & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_1 K - (\sigma + \delta + \mu) & \beta_2 K \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \rho & -q \end{bmatrix} \quad (24)$$

dengan $K = S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0$. Dari matriks *Jacobian* ($J(E^0)$) tersebut diperoleh enam nilai eigen sebagai berikut:

1. $\Lambda_1 = -\mu$, karena semua parameter bernilai positif, maka nilai ini selalu negatif.
2. $\Lambda_2 = -\omega - \mu$, karena semua parameter bernilai positif, maka nilai ini selalu negatif.
3. $\Lambda_3 = \frac{(\alpha_2 + \eta + \alpha_3 + 2\mu) + \sqrt{(\alpha_2 + \eta + \alpha_3 + 2\mu)^2 - 4(\alpha_2 \alpha_3 + \alpha_2 \mu + \eta \mu + \alpha_3 \mu + \mu^2)}}{2}$, karena semua parameter bernilai positif, maka nilai ini selalu negatif.
4. $\Lambda_4 = -\frac{(\alpha_2 + \eta + \alpha_3 + 2\mu) - \sqrt{(\alpha_2 + \eta + \alpha_3 + 2\mu)^2 - 4(\alpha_2 \alpha_3 + \alpha_2 \mu + \eta \mu + \alpha_3 \mu + \mu^2)}}{2}$, karena semua parameter bernilai positif, maka nilai ini selalu negatif.
5. $\Lambda_5 = -\frac{(\sigma + \delta + \mu)(1 - R_0) + q + \frac{\beta_2 \rho (S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0)}{q} - \sqrt{\left((\sigma + \delta + \mu)(1 - R_0) + q + \frac{\beta_2 \rho (S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0)}{q}\right)^2 - 4q(\sigma + \delta + \mu)(1 - R_0)}}{2}$, bernilai negatif ketika $R_0 < 1$.
6. $\Lambda_6 = -\frac{(\sigma + \delta + \mu)(1 - R_0) + q + \frac{\beta_2 \rho (S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0)}{q} - \sqrt{\left((\sigma + \delta + \mu)(1 - R_0) + q + \frac{\beta_2 \rho (S^0 + \varepsilon V_1^0 + \lambda V_2^0)}{q}\right)^2 - 4q(\sigma + \delta + \mu)(1 - R_0)}}{2}$, bernilai negatif ketika $R_0 < 1$.

Selanjutnya, analisis titik kesetimbangan endemik dilakukan dengan melakukan substitusi titik kesetimbangan endemik ke dalam matriks *Jacobian* (23). Sehingga diperoleh matriks *Jacobian* ($J(E^*)$) sebagai berikut:

$$J(E^*) = \begin{bmatrix} -\alpha_2 - \tau I^* - \mu & \eta & 0 & 0 & -\beta_1 S^* & -\beta_2 S^* \\ \alpha_2 & -\eta - \alpha_3 - \varepsilon I^* - \mu & 0 & 0 & -\varepsilon \beta_1 V_1^* & -\varepsilon \beta_2 V_1^* \\ 0 & \alpha_3 & -\lambda \varepsilon I^* - \omega - \mu & 0 & -\lambda \beta_1 V_2^* & -\lambda \beta_2 V_2^* \\ 0 & 0 & \omega & -\mu & \sigma & 0 \\ 0 & \varepsilon \tau I^* & \lambda \varepsilon I^* & 0 & \beta_1 L - T & \beta_2 L \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \rho & -q \end{bmatrix} \quad (25)$$

dengan $L = S^* + \varepsilon V_1^* + \lambda V_2^*$, $\tau = \beta_1 + \frac{\beta_2 \rho}{q}$, serta $T = \sigma + \delta + \mu$. Hasil perhitungan matriks *Jacobian* ($J(E^*)$) menghasilkan polinomial karakteristik berderajat enam, sebagai berikut:

$$C_6 \Lambda^6 + C_5 \Lambda^5 + C_4 \Lambda^4 + C_3 \Lambda^3 + C_2 \Lambda^2 + C_1 \Lambda + C_0 = 0 \quad (26)$$

Dari persamaan karakteristik tersebut, untuk menganalisis kestabilan sistem digunakan kriteria *Routh-Hurwitz*. Tabel kriteria *Routh-Hurwitz* dari persamaan karakteristik tersebut sebagai berikut:

Tabel 2. *Routh-Hurwitz* titik endemik

Λ^6	C_6	C_4	C_2	C_0
Λ^5	C_5	C_3	C_1	0
Λ^4	$\frac{C_5 C_4 - C_6 C_3}{C_5}$	$\frac{C_5 C_2 - C_6 C_1}{C_5}$	$\frac{C_5 C_0}{C_5}$	0

Λ^3	$\frac{b_1 C_3 - C_5 b_2}{b_1}$	$\frac{b_1 C_1 - C_5 b_3}{b_1}$	0	0
Λ^2	$\frac{c_1 b_2 - b_1 c_2}{c_1}$	$\frac{c_1 b_3}{c_1}$	0	0
Λ^1	$\frac{d_1 c_2 - c_1 d_2}{d_1}$	0	0	0
Λ^0	d_2	0	0	0

di mana

$$b_1 = \frac{C_5 C_4 - C_6 C_3}{C_5}, \quad b_2 = \frac{C_5 C_2 - C_6 C_1}{C_5}, \quad b_3 = \frac{C_5 C_0}{C_5} = C_0$$

$$c_1 = \frac{b_1 C_3 - C_5 b_2}{b_1}, \quad c_2 = \frac{b_1 C_1 - C_5 b_3}{b_1}$$

$$d_1 = \frac{c_1 b_2 - b_1 c_2}{c_1}, \quad d_2 = \frac{c_1 b_3}{c_1} = b_3$$

Berdasarkan kriteria *Routh-Hurwitz*, titik kesetimbangan endemik dinyatakan stabil jika dan hanya jika tidak terdapat perubahan tanda pada elemen-elemen pertama dari setiap baris pada Tabel 2. Karena koefisien persamaan karakteristik bergantung pada titik kesetimbangan endemik ($S^*, V_1^*, V_2^*, R^*, I^*, P^*$) yang kompleks, analisis kestabilan dengan kriteria *Routh-Hurwitz* sulit dilakukan. Oleh karena itu, kestabilan asimtotik lokal dievaluasi secara numerik.

SIMULASI NUMERIK

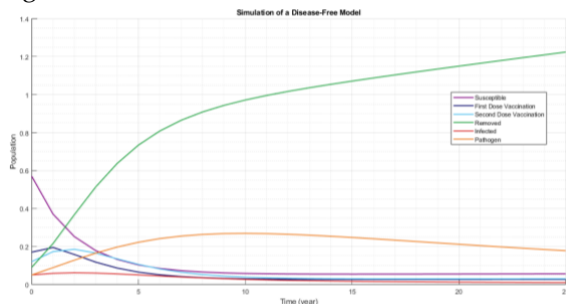
Simulasi numerik dilakukan menggunakan parameter yang diperoleh dari beberapa sumber referensi. Nilai-nilai awal pada model ini yaitu $S(0) = 0.57, V_1(0) = 0.17, V_2(0) = 0.12, R(0) = 0.09, I(0) = 0.05, P(0) = 0.05$, serta nilai-nilai parameter yang digunakan terdapat pada tabel sebagai berikut:

Tabel 3. Nilai parameter

Parameter	Nilai	Referensi
θ	0.02755	(Edward et al., 2015)
β_1	0.7	Asumsi
α_1	0.037755	(Alemneh & Belay, 2023)
α_2	0.5	Asumsi
α_3	0.9	Asumsi
η	0.167	(Tilahun et al., 2020)
μ	0.00875	(Tilahun et al., 2020)
q	0.08	(Alemneh & Belay, 2023)
ε	0.0000003	(Alemneh & Belay, 2023)
λ	0.0000002	Asumsi
σ	0.14286	(Tilahun et al., 2020)
ρ	0.8	Asumsi
ω	0.8	(Alemneh & Belay, 2023)
δ	0.125	(Tilahun et al., 2020)

Simulasi awal untuk kondisi bebas penyakit dilakukan dengan mensubstitusikan $\beta_2 = 0.2$ beserta nilai parameter pada Tabel 3 ke dalam sistem persamaan model. Dari hasil substitusi parameter tersebut, diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit

$S^0, V_1^0, V_2^0, R^0, I^0, P^0 = 0.0618, 0.0297, 0.0330, 3.0239, 0, 0$, dan bilangan reproduksi dasar $R_0 = 0.6038 < 1$. Dikarenakan syarat $R_0 < 1$ terpenuhi, maka sistem stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan bebas penyakit. Perilaku dinamika model dari hasil simulasi ini divisualisasikan pada grafik hasil simulasi numerik sebagai berikut:

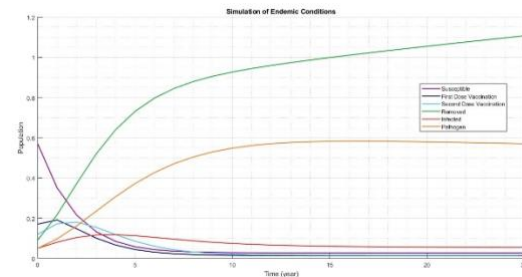


Gambar 5. Hasil simulasi dengan $\beta_2 = 0.2$ dan nilai parameter pada Tabel 3

Gambar 5 menunjukkan subpopulasi rentan menurun akibat vaksinasi serta interaksi dengan individu terinfeksi dan patogen. V_1 dan V_2 awalnya meningkat, kemudian menurun dan stabil pada tingkat rendah. Subpopulasi terinfeksi dan patogen terus menurun menuju nol, menunjukkan penularan tidak berkembang. Sementara itu, subpopulasi removed meningkat dan menjadi dominan dalam jangka panjang akibat akumulasi individu yang memperoleh kekebalan melalui pemulihan maupun vaksinasi. Hasil ini sejalan dengan analisis kestabilan sebelumnya, yaitu ketika syarat $R_0 < 1$ terpenuhi maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik. Simulasi model SV_1V_2RIP tersebut menunjukkan bahwa tidak terjadi penyebaran penyakit pada titik kesetimbangan bebas penyakit, sehingga penyakit campak akan hilang dari semua populasi seiring berjalannya waktu.

Selanjutnya, simulasi untuk kondisi endemik dilakukan dengan merubah nilai β_2 yang semula $\beta_2 = 0.2$ menjadi $\beta_2 = 0.9$, serta nilai parameter lainnya sesuai Tabel 3. Substitusi nilai-nilai parameter tersebut ke dalam sistem persamaan menghasilkan nilai titik kesetimbangan endemik $S^*, V_1^*, V_2^*, R^*, I^*, P^* = (0.0285, 0.0142, 0.0158, 2.2955, 0.0519, 0.5197)$ dan

bilangan reproduksi dasar $R_0 = 2.1694 > 1$. Dikarenakan nilai $R_0 > 1$ penyakit campak tidak akan menghilang, melainkan akan terus bertahan dan stabil pada kondisi endemik. Visualisasi hasil simulasi numerik untuk kondisi endemik ditunjukkan pada grafik sebagai berikut:



Gambar 6. Hasil simulasi dengan $\beta_2 = 0.9$ dan nilai parameter pada Tabel 3

Gambar 6 menunjukkan penyakit tetap bertahan dalam populasi. Subpopulasi rentan menurun akibat penularan langsung (β_1) dan tidak langsung (β_2) sementara V_1 dan V_2 meningkat sementara lalu stabil pada tingkat rendah. Subpopulasi terinfeksi dan patogen awalnya meningkat, kemudian menurun tetapi tetap positif, menunjukkan infeksi persisten dan keberadaan patogen di lingkungan. Sementara itu, subpopulasi removed terus meningkat dan menjadi dominan akibat akumulasi individu yang memperoleh kekebalan. Secara keseluruhan, keberadaan nilai positif pada kompartemen terinfeksi dan patogen dalam jangka panjang menunjukkan bahwa sistem mencapai titik kesetimbangan endemik. Dikarenakan nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 > 1$, menyebabkan penyakit campak tetap bertahan dan tidak dapat dieliminasi dari populasi. Fenomena tersebut sejalan dengan tercapainya kestabilan pada titik kesetimbangan endemik, yang menunjukkan bahwa sistem cenderung menuju kondisi endemik dalam jangka panjang.

PENUTUP

SIMPULAN

Penelitian ini berhasil mengembangkan model matematika penyebaran penyakit campak (SV_1V_2RIP) dengan mengintegrasikan struktur vaksinasi dosis ganda dan mekanisme penularan melalui lingkungan. Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa nilai bilangan reproduksi dasar berpengaruh terhadap dinamika penyebaran penyakit campak. Ketika ($R_0 < 1$), jumlah individu

terinfeksi dan konsentrasi patogen di lingkungan menurun hingga nol sehingga penyakit secara bertahap menghilang dari populasi. Sebaliknya, ketika ($R_0 > 1$), sistem menuju kondisi endemik yang stabil dengan jumlah individu terinfeksi dan patogen bertahan pada nilai konstan. Selain itu, peningkatan cakupan vaksinasi dosis kedua mampu menurunkan jumlah individu terinfeksi, sedangkan peningkatan laju penularan melalui kontak langsung maupun melalui lingkungan menyebabkan peningkatan jumlah kasus campak. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa kombinasi vaksinasi dosis ganda dan pengendalian penularan melalui lingkungan berperan penting dalam menekan penyebaran penyakit campak.

SARAN

Berdasarkan hasil penelitian, peningkatan efektivitas vaksinasi dua dosis dan pengendalian faktor lingkungan efektif menekan penyebaran campak. Oleh karena itu, strategi pengendalian perlu memprioritaskan perluasan cakupan vaksinasi, terutama pada kelompok rentan dan wilayah berisiko tinggi, serta isolasi penderita untuk mengurangi pelepasan patogen ke lingkungan. Penelitian selanjutnya disarankan mempertimbangkan faktor musiman dan menggunakan data riil kasus campak agar model lebih realistis serta mendukung rekomendasi kebijakan yang lebih spesifik.

DAFTAR PUSTAKA

- Alemneh, H. T., & Belay, A. M. (2023). Modelling, analysis, and simulation of measles disease transmission dynamics. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2023(1), 9353540.
- Anton, H., & Rorres, C. (2013). *Elementary linear algebra: applications version*. John Wiley & Sons.
- Boyce, W. E., DiPrima, R. C., & Meade, D. B. (2017). *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*. John Wiley & Sons.
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical Models in Epidemiology* (Vol. 32). Springer.
- Brauer, F., Van den Driessche, P., Wu, J., & Allen, L. J. S. (2008). *Mathematical Epidemiology* (Vol. 1945). Springer.
- Centers for Disease Control and Prevention. (2024). Measles Symptoms and Complications. <https://www.cdc.gov/measles/signs-symptoms/index.html>
- Garfinkel, A., Shevtsov, J., & Guo, Y. (2017). *Modeling Life: The Mathematics of Biological Systems*. Springer.
- Halim, R. G. (2016). Campak pada anak. *Cermin Dunia Kedokteran*, 43(3), 186–189.
- Ikatan Dokter Anak Indonesia. (2014, April 22). Jadwal Imunisasi IDAI 2014. <https://www.idai.or.id/artikel/klinik/imunisasi/jadwal-imunisasi-idai-2014>
- Ikatan Dokter Anak Indonesia. (2019, May 29). Apakah Infeksi Campak? <https://www.idai.or.id/artikel/seputar-kesehatan-anak/apakah-infeksi-campak>
- Irwan, I. (2017). *Epidemiologi Penyakit Menular*.
- Kudryashov, N. A., Chmykhov, M. A., & Vigdorowitsch, M. (2021). Analytical Features of the SIR Model and Their Applications to COVID-19. *Applied Mathematical Modelling*, 90, 466–473.
- Ma, Z., & Li, J. (2009). *Dynamical Modeling And Analysis Of Epidemics*. World scientific.
- Morris, Q. (2010). Analysis of a Co-Epidemic Model. *SIAM Undergrad. Res. Online*, 4, 121–133.
- Mwalili, S., Kimathi, M., Ojiambo, V., Gathungu, D., & Mbogo, R. (2020). SEIR Model for COVID-19 Dynamics Incorporating the Environment and Social Distancing. *BMC Research Notes*, 13(1), 352.
- Natasya, N. V., Permadani, N., Ikmawati, & Kurniawan. (2024). Pendekatan Matematika yang Digunakan pada Biologi. *Populer: Jurnal Penelitian Mahasiswa*, 3(4), 73–84. <https://doi.org/10.58192/populer.v3i4.2696>
- Nurhasanah, R. (2023). Pengelolaan Sediaan Vaksin Hepatitis B dan MMR di Rumah Sakit Al Huda Banyuwangi. *STIKES BANYUWANGI*.
- Ogata, K. (2010). *Modern Control Engineering*. Prentice hall.
- Tilahun, G. T., Demie, S., & Eyob, A. (2020). Stochastic model of measles transmission dynamics with double dose vaccination. *Infectious Disease Modelling*, 5, 478–494. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.06.003>
- Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2008). Further Notes on the Basic Reproduction Number. In *Mathematical epidemiology* (pp. 159–178). Springer.
- World Health Organization. (2025). Measles. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/measles>