



**ANALISIS KESTABILAN MODEL MATEMATIKA
PENYEBARAN PENYAKIT CAMPAK DENGAN DUA
VAKSINASI DAN KARANTINA**

SKRIPSI

Oleh

**Indana Rizqiatun Nadiroh
221810101014**

**KEMENTERIAN PENDIDIKAN TINGGI, SAINS, DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS JEMBER
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
JURUSAN MATEMATIKA
JEMBER
2026**



**ANALISIS KESTABILAN MODEL MATEMATIKA
PENYEBARAN PENYAKIT CAMPAK DENGAN DUA
VAKSINASI DAN KARANTINA**

*diajukan untuk memenuhi sebagian persyaratan memperoleh gelar Sarjana pada
Program Studi Matematika*

SKRIPSI

Oleh

**Indana Rizqiatun Nadiroh
221810101014**

**KEMENTERIAN PENDIDIKAN TINGGI, SAINS, DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS JEMBER
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
JURUSAN MATEMATIKA
JEMBER
2026**

PERSEMBAHAN

Dengan penuh rasa syukur kepada Allah SWT atas segala rahmat, nikmat, dan kemudahan yang telah diberikan, sehingga skripsi ini dapat terselesaikan dengan baik. Karya sederhana ini penulis persembahkan sebagai ungkapan terima kasih, cinta, dan penghormatan kepada orang-orang yang telah memberikan doa, dukungan, serta semangat dalam setiap langkah perjuangan penulis. Skripsi ini penulis persembahkan untuk:

1. Kedua orang tua penulis, almarhum Bapak Ibrahim dan Ibu Sri Wahyuni yang telah memberikan kasih sayang, doa, dukungan, nasihat dan selalu mengiringi setiap langkah penulis sehingga penulis mampu menyelesaikan pendidikan ini.
2. Nenek tercinta, Nenek Ponisih yang telah membesarkan, merawat, serta memberikan kasih sayang, perhatian, doa yang tiada henti, dan semangat kepada penulis selama ini. Terima kasih atas segala pengorbanan dan ketulusan yang tidak akan pernah dapat penulis balas sepenuhnya.
3. Adik penulis, Moh. Firdaus Niamul Umam yang telah memberikan semangat, dukungan, kebahagiaan di setiap harinya, serta menjadi penyemangat terbesar di setiap keadaan dalam menyelesaikan skripsi ini.
4. Seluruh keluarga besar penulis yang telah mendoakan penulis untuk menyelesaikan skripsi ini.

MOTTO

“Kesuksesan bukan tentang seberapa cepat mencapainya, melainkan tentang seberapa kuat bertahan dan menghargai setiap prosesnya.”

“Allah tidak membebani seseorang melainkan sesuai dengan kesanggupannya.”

(QS.Al –Baqoroh: 286)



PERNYATAAN ORISINALITAS

Saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Indana Rizqiatun Nadiroh

NIM : 221810101014

Menyatakan dengan sesungguhnya bahwa skripsi yang berjudul: Analisis Kestabilan Model Matematika Penyebaran Penyakit Campak dengan Dua Vaksinasi dan Karantina adalah benar-benar hasil karya sendiri, kecuali jika dalam pengutipan substansi disebutkan sumbernya, dan belum pernah diajukan pada institusi mana pun, serta bukan karya jiplakan. Saya bertanggung jawab atas keabsahan dan kebenaran isinya sesuai dengan sikap ilmiah yang harus dijunjung tinggi.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya, tanpa adanya tekanan dan paksaan dari pihak manapun serta bersedia mendapat sanksi akademik jika ternyata di kemudian hari pernyataan ini tidak benar.

Jember, Juni 2026

Yang menyatakan,

Indana Rizqiatun N
NIM 221810101014

HALAMAN PERSETUJUAN

Skripsi berjudul Analisis Kestabilan Model Matematika Penyebaran Penyakit Campak dengan Dua vaksinasi dan Karantina telah diuji dan disetujui pada:

Hari :

Tanggal :

Tempat : Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,

Universitas Jember

Tim Penguji

Ketua,

Millatuz Zahroh, S.Pd., M.Sc

NIP 199304152020122003

Anggota I,

Anggota II,

Drs. Moh. Hasan, M.Sc., Ph.D

NIP 196404041988021001

Dr. Yuliani Setia Dewi, S.Si., M.Si

NIP 197407162000032001

ABSTRACT

Measles is a contagious disease that can spread rapidly and has the potential to cause outbreaks if not properly controlled. One control measure that can be implemented is through vaccination programs and the quarantine of infected individuals. This study aims to develop an SV_1V_2EIQR mathematical model to describe the spread of measles with two-dose vaccination and quarantine in Jember Regency. The model consists of seven compartments: Susceptible (S), first-dose vaccinated (V_1), second-dose vaccinated (V_2), exposed (E), infected (I), quarantined (Q), and recovered (R). Model analysis was conducted by determining the disease-free equilibrium point, performing stability analysis using the Jacobian matrix and Routh-Hurwitz criteria, and determining the basic reproduction number using the Next Generation Matrix (NGM) method. Numerical simulations were performed using the fourth-order Runge-Kutta method with the aid of python. The results of the study indicate that the model has a disease-free equilibrium point. The basic reproduction number obtained is $R_0 \approx 0,00000026 < 1$, so the disease-free equilibrium point is locally asymptotically stable. The results of the numerical simulations show that the infected population gradually decreases, while the recovered population increases over time. This indicates that vaccination and quarantine play a role in curbing the spread of measles in Jember Regency.

Keywords: Measles, mathematical model, analysis, vaccination, quarantine

RINGKASAN

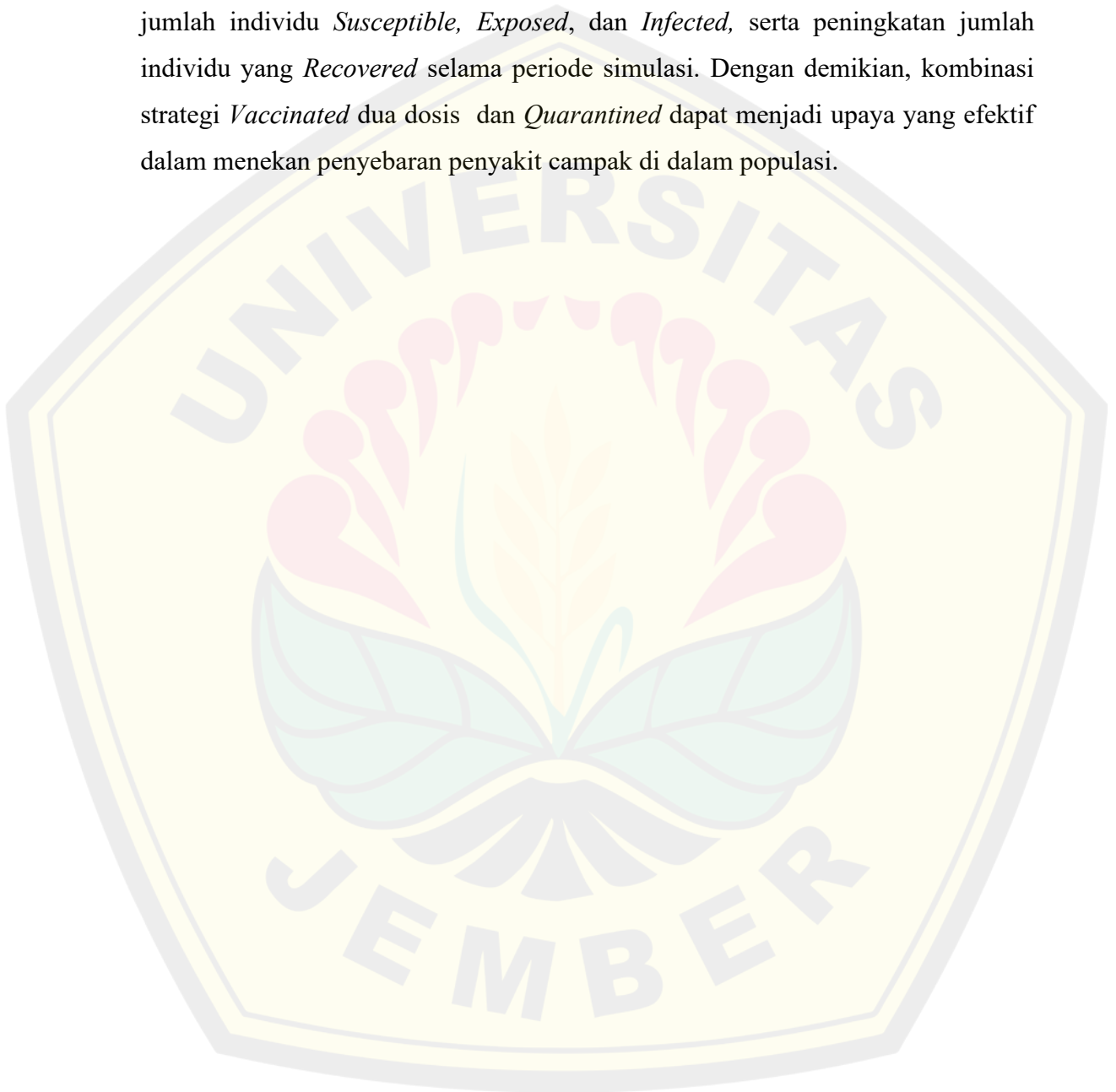
Analisis Penyebaran Penyakit Campak dengan Dua Vaksinasi dan Karantina; Indana Rizqiatun Nadiroh; 2026; 55 halaman ; Jurusan Matematika Fakiultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

Campak merupakan penyakit menular yang penyebarannya masih menjadi masalah kesehatan masyarakat karena memiliki tingkat penularan yang tinggi. Upaya pengendalian penyakit campak dapat dilakukan melalui vaksinasi dan karantina. Oleh karena itu, diperlukan suatu model matematika yang mampu menggambarkan dinamika penyebaran penyakit campak serta menganalisis pengaruh pemberian dua dosis vaksin dan karantina terhadap penurunan jumlah kasus infeksi. Penelitian ini menggunakan model matematika SV_1V_2EIQR yang terdiri atas tujuh kompartemen, yaitu *Susceptible*(S), *Vaccinated*(V_1), *Vaccinated*(V_2), *Exposed*(E), *Infected*(I), *Quarantined*(Q), *Recovere*(R). Analisis dilakukan melalui penentuan titik kesetimbangan, analisis kestabilan menggunakan nilai eigen matriks Jacobian, serta simulasi numerik menggunakan Metode Runge-Kutta orde 4 (RK4) dengan bantuan program python berdasarkan parameter dan kondisi awal yang telah ditentukan.

Hasil simulasi selama 10 bulan menunjukkan bahwa populasi *Susceptible* (S) menurun dari 226.127 jiwa menjadi 74.306 jiwa atau berkurang sebesar 67,14%. Populasi *Exposed* (E) menurun dari 7.658 jiwa menjadi 887 jiwa atau berkurang sebesar 88,42%, sedangkan populasi *Infected* (I) menurun dari 3.553 jiwa menjadi 1.015 jiwa atau berkurang sebesar 71,44%. Jumlah individu yang *Quarantined* (Q) mencapai puncak sebesar 2.218 jiwa pada bulan ke-3 sebelum akhirnya menurun menjadi 1.059 jiwa pada akhir simulasi. Sementara itu, populasi *Recorvered* (R) meningkat secara terus-menerus hingga mencapai 108.636 jiwa pada bulan ke-10. Penurunan jumlah individu pada kompartemen *Exposed* dan *Infected* menunjukkan bahwa laju penularan penyakit semakin berkurang selama periode simulasi. Peningkatan jumlah individu yang menerima *Vaccinated* dosis kedua memperlihatkan bahwa program *Vaccinated* berjalan dengan baik dan mampu mengurangi jumlah individu *Susceptible* sehingga penyebaran penyakit dapat

ditekan. Meningkatkan populasi *Recovered* menunjukkan bahwa semakin banyak individu yang berhasil pulih dari penyakit dan memperoleh kekebalan.

Berdasarkan hasil analisis dan simulasi numerik, model SV_1V_2EIQR menunjukkan bahwa penerapan dua dosis vaksinasi dan Karantina efektif dalam mengendalikan penyebaran penyakit campak. Hal ini ditunjukkan oleh penurunan jumlah individu *Susceptible*, *Exposed*, dan *Infected*, serta peningkatan jumlah individu yang *Recovered* selama periode simulasi. Dengan demikian, kombinasi strategi *Vaccinated* dua dosis dan *Quarantined* dapat menjadi upaya yang efektif dalam menekan penyebaran penyakit campak di dalam populasi.



PRAKATA

Puji syukur ke hadirat Allah SWT atas segala rahmat, hidayah, dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul “Analisis Kestabilan Model Matematika Penyebaran Penyakit Campak dengan Dua Vaksinasi dan Karantina” dengan baik. Sholawat serta salam semoga senantiasa tercurahkan kepada Nabi Muhammad SAW yang telah membawa umat manusia dari zaman kegelapan menuju jalan yang penuh ilmu pengetahuan dan keberkahan.

Skripsi ini disusun sebagai salah satu syarat untuk menyelesaikan pendidikan pada Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Jember. Dalam proses penyusunan skripsi ini, penulis memperoleh banyak bantuan, dukungan, doa, serta bimbingan dari berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Millatuz Zahroh, S.Pd., M.Sc. selaku dosen pembimbing yang telah memberikan bimbingan, arahan, motivasi, dan dukungan dengan penuh kesabaran selama proses penyusunan skripsi.
2. Drs. Moh. Hasan, M.Sc., Ph.D. selaku dosen penguji I dan Dr. Yuliani Setia Dewi, S.Si., M.Si selaku dosen penguji II yang telah memberikan kritik, saran, dan masukan yang membangun demi penyempurnaan skripsi ini.
3. Prof Dr. Kiswara Agung Santoso, S.Si., M.Kom. selaku dosen pembimbing akademik yang telah memberikan arahan, nasihat, dan motivasi selama penulis menempuh pendidikan di Universitas Jember.
4. Seluruh dosen dan staf Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember yang telah memberikan ilmu, pengalaman, serta bantuan selama masa kuliah.
5. Seluruh pihak di Dinas Kesehatan Kabupaten Jember yang telah membantu dan memberikan data serta informasi yang dibutuhkan dalam penyusunan skripsi ini.
6. Seluruh guru penulis sejak Taman Kanak-Kanak hingga Madrasah Aliyah, serta Abah dan Ibuk Nyai serta para ustaz dan ustadzah di pondok pesantren

Hidayatul Mubtadiat yang telah memberikan ilmu, doa, nasihat, dan motivasi kepada penulis selama menempuh pendidikan.

7. Sahabat penulis Mohammad Alifudin Sholeh, Fine Putri Rahayu, dan Ulviatun Isazaroh yang selalu menemani, memberikan dukungan, bantuan, dan semangat kepada penulis selama masa perkuliahan.



DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
PERSEMBAHAN.....	iii
MOTTO	iv
PERNYATAAN ORISINALITAS.....	v
HALAMAN PERSETUJUAN	vi
RINGKASAN	viii
PRAKATA	x
DAFTAR ISI.....	xii
DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR.....	xv
DAFTAR LAMPIRAN	xvi
BAB 1. PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian.....	4
1.4 Manfaat Penelitian.....	4
BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA.....	5
2.1 Campak.....	5
2.2 Model Matematika	5
2.3 Analisis Kestabilan dan Titik Keseimbangan	8
2.4 Bilangan Reproduksi	11
2.5 Solusi Numerik untuk Sistem Persamaan Diferensial.....	12
BAB 3. METODOLOGI PENELITIAN.....	14
3.1 Prosedur Penelitian.....	14
3.2 Analisis Hasil	16
BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN	17
4.1 Model Penyebaran Penyakit Campak	17
4.2 Titik Keseimbangan Model Penyebaran Penyakit Campak.....	19
4.2.1 Titik keseimbangan bebas penyakit (DFE).....	20
4.2.2 Titik keseimbangan Endemik	21
4.3 Bilangan Reproduksi	23
4.4 Analisis kestabilan Model	24
4.4.1 Analisis Kestabilan Titik Bebas Penyakit.....	25
4.4.2 Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan Endemik	27

4.5 Visualisasi model	28
BAB 5. KESIMPULAN DAN SARAN.....	34
5.1 Kesimpulan.....	34
5.2 Saran.....	34
DAFTAR PUSTAKA.....	35
LAMPIRAN-LAMPIRAN	38



DAFTAR TABEL

Tabel 3.1 Data Penelitian	14
Tabel 3.2 Data Parameter	15



DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Model SEIR.....	6
Gambar 2.2 Model SVEIR.....	7
Gambar 4.1 Model $SV1V2EIQR$	17
Gambar 4.2 Plot populasi yang rentan	29
Gambar 4.3 Plot populasi yang di vaksin pertama.....	29
Gambar 4.4 Plot populasi yang di vaksin kedua	30
Gambar 4.5 Plot populasi yang terpapar	31
Gambar 4.6 Plot populasi yang terinfeksi.....	31
Gambar 4.7 Plot populasi yang di karantina	32
Gambar 4.8 Plot populasi yang sembuh.....	32

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 3.1 Surat Izin Penelitian.....	38
Lampiran 4.1 Skrip Program Phyton	38



BAB 1. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Campak adalah salah satu penyakit menular yang disebabkan oleh virus *Morbillivirus*, yang termasuk dalam keluarga *Paramyxoviridae*. Penyakit ini ditandai dengan demam, nyeri tenggorokan, mata merah, serta ruam kemerahan yang menyebar ke seluruh tubuh (Kamrin et al., 2023). Penularan campak terjadi melalui percikan air liur yang keluar ketika batuk, bersin, atau berbicara, baik melalui kontak langsung maupun melalui benda yang terkontaminasi oleh virus. Setelah masuk melalui saluran pernapasan seperti mulut, hidung, atau mata, virus menyebar melalui aliran darah sehingga menimbulkan infeksi sistemik (Umroh & Mayasari, 2024).

Berdasarkan tingkat penularannya yang tinggi, kasus campak di Indonesia menunjukkan peningkatan signifikan. Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (Kemenkes RI) melaporkan bahwa hingga Agustus 2025 terdapat 23.128 kasus suspek campak, dengan 3.444 kasus di antaranya terkonfirmasi positif. Data Kementerian Kesehatan menunjukkan bahwa 46 daerah di 13 provinsi ditetapkan sebagai wilayah berstatus Kejadian Luar Biasa (KLB) (Kristihandari, 2025). Di Provinsi Jawa Timur, kasus campak dilaporkan terjadi di Kabupaten Sumenep mencatat lebih dari 2.000 kasus suspek, dengan 17 anak meninggal dunia pada tahun 2025 (BB Labkesmas Makassar, 2025). Selain itu, Kabupaten Jember mencatat 3.554 kasus campak dengan empat kasus kematian, meskipun wilayah tersebut tidak ditetapkan sebagai daerah berstatus KLB pada tahun 2025. Tingginya angka kejadian penyakit campak menyebabkan penyakit ini penting untuk diteliti dan dikaji lebih lanjut.

Di bidang matematika, penelitian terkait penyebaran penyakit menular dipelajari melalui pemodelan matematika. Pemodelan matematika merupakan proses mengubah permasalahan nyata menjadi bentuk persamaan atau hubungan matematis yang mengungkapkan perilaku suatu permasalahan (Diah, 2024). Model matematika sederhana yang sering digunakan dalam penyebaran penyakit menular

yaitu model SIR, yang membagi populasi menjadi tiga kelompok, individu rentan yang dapat tertular *Susceptible* (S), terinfeksi dan menularkan penyakit *Infected* (I), serta sembuh dan memiliki kekebalan *Recovered* (R) (Antman et al., 2010). Model ini kemudian berkembang menjadi SEIR dengan menambahkan kompartemen *Exposed* (E), yaitu individu yang sudah terpapar tetapi belum dapat menularkan penyakit. Selanjutnya berkembang model SIQR yang memasukkan *Quarantined* (Q) untuk menggambarkan individu terinfeksi yang diisolasi agar tidak menularkan penyakit. Perkembangan berikutnya menghasilkan model *SVEIR* dengan menambahkan *Vaccinated* (V), sehingga individu yang telah menerima vaksin dapat dipisahkan dari populasi rentan. Berbagai model ini terus berkembang agar semakin sesuai dengan kondisi dunia nyata.

Model matematika yang terbentuk perlu dianalisis berdasarkan dinamika sistem persamaan diferensialnya untuk menentukan perilaku keadaan akhir sistem, apakah penyakit akan hilang atau bertahan dalam suatu populasi (Van Den Driessche & Watmough, 2002). Salah satu analisis penting dalam model epidemi adalah penentuan titik ekuilibrium yaitu kondisi ketika laju perubahan setiap kompartemen bernilai nol. Titik ekuilibrium bebas penyakit (*disease free equilibrium* atau *DFE*), menggambarkan keadaan ketika tidak terdapat individu terinfeksi dalam populasi. Selanjutnya, titik *equilibrium endemik* (*EE*) menunjukkan keadaan ketika penyakit tetap bertahan dalam populasi (Hethcote, 2000). Pada analisis ini juga dilakukan perhitungan untuk mencari bilangan reproduksi dasar R_0 . Bilangan reproduksi dasar menggambarkan kemampuan penyakit menyebar pada populasi (Van Den Driessche & Watmough, 2002). Berikutnya, kestabilan setiap titik ekuilibrium dianalisis dengan mengevaluasi tanda bagian real dari nilai eigen matriks Jacobian pada titik tersebut, untuk menentukan apakah gangguan kecil akan hilang atau justru berkembang (Pangestu & Hartono, 2023).

Beberapa penelitian terdahulu telah mengkaji analisis kestabilan penyebaran campak dengan berbagai pendekatan. Penelitian yang dilakukan oleh Sihotang et al. (2019) menggunakan model SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) untuk mengkaji dinamika penyebaran penyakit campak

dengan pertimbangan pengaruh imunisasi rutin dan vaksin MR (Measles-Rubella). Penelitian yang dilakukan oleh Hakim (2022) menggambarkan model penyebaran campak SIQR (*Susceptible-Infected-Quarantined-Recovered*). Hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa penerapan karantina dan pengendalian kontak mampu menurunkan jumlah individu terinfeksi secara signifikan. Penelitian yang dilakukan oleh Silvitasari dan Pusawidjayanti, (2024) mengembangkan model SVEIR (*Susceptible-Vaccinated-Exposed-Infected-Recovered*). Hasil analisis menunjukkan bahwa model SVEIR dengan tiga kali vaksinasi dapat menurunkan nilai bilangan reproduksi dasar sehingga penyakit bergerak menuju kondisi bebas penyakit dan dapat hilang dalam waktu sekitar 8,5 bulan.

Berdasarkan penelitian sebelumnya, vaksinasi dan karantina memiliki peran penting dalam penurunan jumlah individu terinfeksi. Penelitian ini mengembangkan model dari penelitian sebelumnya yaitu model SV_1V_2EIQR (*Susceptible-Vaccinated1-Vaccinated2-Exposed-Infected-Quarantined-Recovered*) dengan mempertimbangkan kondisi vaksinasi dan pengendalian penyakit yang diterapkan di Kabupaten Jember. Vaksinasi yang digunakan adalah vaksin Measles-Rubella (MR) yang diberikan dalam dua dosis, yakni MR1 dan MR2. Dosis pertama (MR1) diberikan agar membentuk kekebalan dasar terhadap virus campak, sedangkan dosis kedua (MR2) sebagai booster agar tingkat antibodi meningkat sehingga perlindungan menjadi lebih kuat dan bertahan lebih lama. Penerapan dua kali vaksinasi ini sesuai dengan kebijakan imunisasi rutin di Kabupaten Jember, sehingga model SV_1V_2EIQR disusun untuk mencerminkan kondisi vaksinasi yang berlangsung secara nyata di daerah tersebut. Selain vaksinasi, upaya karantina dalam penelitian ini menjadi langkah pengendalian tambahan yang penting karena karantina dapat membatasi aktivitas individu yang sudah terinfeksi dengan melakukan isolasi mandiri di rumah ataupun pemantauan dari Puskesmas terdekat.

1.2 Rumusan Masalah

Adapun rumusan masalah untuk penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Apakah model matematika SV_1V_2EIQR mempresentasikan penyebaran penyakit campak dengan dua vaksinasi dan karantina di Kabupaten Jember?
2. Bagaimana dinamika kestabilan penyakit campak pada model matematika SV_1V_2EIQR di Kabupaten Jember?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Menghasilkan model matematika SV_1V_2EIQR untuk menggambarkan penyakit campak dengan mempertimbangkan vaksinasi ganda dan karantina di Kabupaten Jember.
2. Memperoleh dinamika kestabilan model SV_1V_2EIQR pada penyakit campak di Kabupaten Jember.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini yaitu :

1. Bagi mahasiswa dan peneliti
 Penelitian dapat membantu mahasiswa dan peneliti dalam memahami penerapan pemodelan matematika mengenai dinamika penyebaran penyakit campak melalui pendekatan model matematika SV_1V_2EIQR , sehingga dapat menjadi rujukan ilmiah dalam kajian epidemiologi berbasis model kompartemen.
2. Bagi pemerintah dan Dinas Kesehatan
 Penelitian dapat memberikan gambaran kuantitatif mengenai efektivitas vaksinasi dua dosis dan kebijakan karantina terhadap penurunan penularan campak di Kabupaten Jember, sehingga dapat dijadikan bahan pertimbangan bagi instansi kesehatan dalam merancang strategi pengendalian penyakit yang lebih optimal.

BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Campak

Campak merupakan penyakit yang ditandai oleh sejumlah gejala, meliputi demam tinggi, batuk, pilek, konjungtivitis (mata merah). Gejala ini biasanya muncul 8-12 hari setelah terpapar virus, sesuai dengan masa inkubasi rata-rata campak yang berkisar antara 7-21 hari. Virus campak menular melalui droplet pernapasan yang dikeluarkan saat penderita batuk atau bersin. Setelah itu, muncul ruam makulopapular yang menyebar dari wajah ke seluruh tubuh sebagai manifestasi utama penyakit, yang umumnya bertahan selama 4-7 hari dan dapat disertai gatal atau ketidaknyamanan. Karena masa inkubasi campak cukup panjang, penderita sudah dapat menularkan virus sebelum ruam muncul, sehingga mempercepat penyebaran dalam populasi rentan. Kondisi ini terutama terjadi pada individu yang belum divaksin, di mana penularan sangat tinggi akibat rendahnya tingkat imunitas (WHO, 2025).

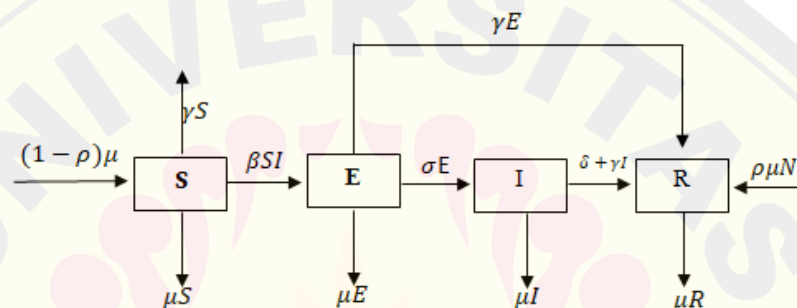
Upaya pencegahan untuk menekan penyebaran campak yaitu dilakukan vaksinasi dan karantina. Vaksinasi campak diberikan dua dosis karena dosis pertama belum cukup menghasilkan tingkat kekebalan komunitas yang memadai untuk menghentikan sirkulasi virus di dalam populasi. Oleh karena itu, pemberian dosis kedua diperlukan untuk melengkapi perlindungan yang optimal (Chacko et al., 2023). Selain vaksinasi, penerapan karantina atau isolasi juga menjadi strategi yang dapat membatasi kontak langsung kepada individu terinfeksi dan terpapar, dan karantina berperan penting dalam memutus rantai penularan, pada kondisi peningkatan kasus atau imunisasi belum merata, karena mengurangi kontak penularan dan menurunkan angka penularan.

2.2 Model Matematika

Penyakit campak sebagai salah satu penyakit menular dapat dikaji menggunakan pendekatan pemodelan matematika untuk menggambarkan dan menganalisis pola penyebaran di dalam populasi. Pemodelan matematika

merupakan suatu pendekatan yang digunakan untuk merepresentasikan suatu fenomena nyata dengan menyusun ke dalam bentuk asumsi yang lebih sederhana sehingga mudah dipahami dan dianalisis. (Hubu et al., 2020).

Penelitian oleh Sihotang et al. (2019) menggunakan model SEIR (*Susceptible–Exposed–Infected–Recovered*) mengkaji dinamika penyebaran penyakit campak dengan pertimbangan pengaruh imunisasi rutin dan vaksin MR (Measles - Rubella) yang diterapkan pada populasi anak-anak di Indonesia. Model SEIR (*Susceptible–Exposed–Infected–Recovered*) dapat diilustrasikan pada Gambar 2.1



Gambar 2.1 Model SEIR

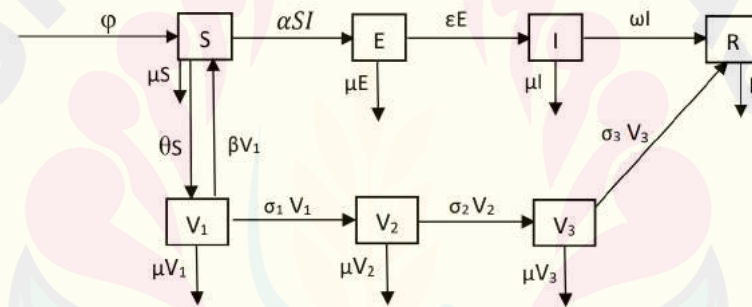
Sistem persamaan diferensial dari model SEIR yaitu :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = (1 - \rho)\mu - \beta SI - (\mu + \gamma)S, \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + \gamma + \sigma)E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\mu + \delta + \gamma)I, \\ \frac{dR}{dt} = \rho\mu + \gamma E + \delta I + \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (2.1)$$

Model SEIR (*Susceptible–Exposed–Infected–Recovered*) digunakan untuk menggambarkan dinamika penularan penyakit campak dalam suatu populasi tertutup, diasumsikan proses penularan terjadi secara homogen, serta parameter-parameter model bersifat konstan. Kompartemen *Susceptible* (S) menerima individu yang masuk ke dalam populasi melalui kelahiran dengan laju $(1 - \rho)\mu$. Individu dalam kompartemen rentan dapat berpindah ke kompartemen *Exposed* (E) melalui kontak dengan individu *Infected* (I) dengan laju penularan βSI , yang

dipengaruhi oleh interaksi antara individu *Susceptible* (S) dan individu menular (I). setelah memasuki kompartemen terpapar, individu akan menjalani masa inkubasi dan bergerak menuju kompartemen *Infected* (I) dengan laju σE . Pada tahap terinfeksi, individu dapat menularkan penyakit kepada populasi rentan dan kemudian pulih menuju kompartemen *Recovered* (R) bertambah melalui *Vaccinated* individu pada kompartemen *Exposed* dengan laju γE dan melalui proses kesembuhan individu terinfeksi dengan laju δI dan γI (Sihotang et al., 2019).

Penelitian oleh Silvitasari & Pusawidjayanti (2024) menunjukkan bahwa model SVEIR memiliki titik ekuilibrium bebas penyakit (DFE) yang stabil ketika bilangan reproduksi dasar $R_0 < 1$. Hal ini mengidentifikasi bahwa pemberian vaksinasi tiga kali mampu menekan laju penularan hingga sistem bergerak menuju kondisi tanpa infeksi, dapat diilustrasikan pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2 Model SVEIR

Sistem persamaan diferensial dari model SVEIR yaitu :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \varphi + \beta V_1 - \alpha SI - (\theta + \mu)S, \\ \frac{dV_1}{dt} = \theta S - (\beta + \sigma_1 + \mu)V_1, \\ \frac{dV_2}{dt} = \sigma_1 V_1 - (\sigma_2 + \mu)V_2, \\ \frac{dV_3}{dt} = \sigma_2 V_2 - (\sigma_3 + \mu)V_3, \\ \frac{dE}{dt} = \alpha SI - (\varepsilon + \mu)E, \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - (\omega + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} = \omega I + \sigma_3 V_3 - \mu R \end{cases} \quad (2.2)$$

Model SVEIR (*Susceptible-Vaccinated-Exposed-Infected-Recovered*) merupakan suatu model epidemik yang digunakan untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit campak dengan memasukkan pengaruh vaksinasi berulang hingga tiga tahap vaksinasi. Pada model ini, vaksinasi diberikan dalam beberapa tahap sehingga setiap individu yang menerima vaksin dapat berada pada tingkat perlindungan sesuai dosis yang telah diterima. Model ini membagi populasi ke dalam lima kompartemen, kompartemen *Susceptible* (S) menerima individu baru dengan laju ϕ dan berkurang karena infeksi oleh individu *Infected* (I) pada laju αSI serta karena vaksinasi tahap pertama θ . Vaksinasi dimodelkan sebagai proses bertahap dari V_1 ke V_2 ke V_3 dengan laju $\sigma_1, \sigma_2, \sigma_3$ hanya setiap tahap akhir V_3 individu dapat berpindah ke kompartemen *Recovered* (R) melalui σ_3 . Beberapa individu pada tahap awal V_1 dapat kembali menjadi S dengan laju βV_1 . Kelompok *Exposed* (E) menerima individu dari S akibat kontak S – I melalui αSI , kemudian masuk ke I pada laju ε . Individu di I kemudian sembuh menjadi R pada laju ω . Semua kompartemen mengalami kematian alami pada laju μ . Oleh karena itu model ini dapat digunakan untuk menganalisis pengaruh cakupan dan urutan dosis vaksinasi terhadap dinamika wabah penyakit campak (Silvitasari & Pusawidjayanti, 2024).

2.3 Analisis Kestabilan dan Titik Keseimbangan

Titik keseimbangan (titik tetap) suatu sistem dinamika adalah keadaan di mana semua variabel keadaan tidak berubah terhadap waktu. Suatu sistem persamaan diferensial orde satu secara umum dituliskan sebagai $\dot{x} = f(x)$ dengan $x(0) = x_0$. Dimana $x \in \mathbb{R}^n$ merupakan vektor keadaan sistem. Titik keseimbangan dari sistem tersebut ditentukan dengan mencari vektor $\bar{x} \in \mathbb{R}^n$ yang memenuhi

$$f(\bar{x}) = 0 \quad (2.3)$$

Persamaan ini menunjukkan bahwa ketika sistem berada di $\bar{x}$, laju perubahan semua komponen variabel bernilai nol sehingga keadaan tidak berubah. Titik ini menjadi dasar dalam menganalisis kestabilan, karena dapat digunakan untuk menentukan apakah gangguan berukuran kecil akan mereda sehingga solusi kembali ke keadaan tersebut (stabil), atau justru menyebabkan sistem menjauh dari titik itu (tidak stabil) (Hirsch et al., 2013). Pada kasus khusus ketika fungsi $f(x)$ berbentuk sistem linear homogen, sistem dapat ditulis $\dot{x} = Ax$, dengan $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ merupakan matriks koefisien sistem. Perilaku solusi ditentukan oleh nilai-nilai eigen matriks A . Suatu vektor tak nol, disebut vektor eigen apabila memenuhi $Av = \lambda v$, dengan $\lambda \in \mathbb{C}$ adalah nilai eigen. Nilai-nilai eigen λ diperoleh dari persamaan karakteristik.

$$\det(A - \lambda I) = 0 \quad (2.4)$$

Pada persamaan ini, I merupakan matriks identitas yang berukuran sama dengan A , pada sistem linear, tanda bagian real dari nilai eigen menentukan perilaku solusi. Jika seluruh nilai eigen memenuhi $\text{Re}(\lambda) < 0$, maka solusi akan menuju nol sehingga sistem bersifat stabil. Sebaliknya, jika terdapat nilai eigen yang memenuhi $\text{Re}(\lambda) > 0$, maka solusi akan menjauh dari titik kesetimbangan sehingga sistem bersifat tidak stabil.

Model epidemi yang bersifat nonlinear dianalisis secara lokal dengan melakukan linearisasi di sekitar titik ekuilibrium sehingga didapatkan linearisasi sebagai berikut.

$$\dot{y} = J_f(\bar{x})y, \quad y = x - \bar{x} \quad (2.5)$$

Matriks $J_f(\bar{x})$ adalah matriks Jacobian yang diperoleh dari turunan parsial fungsi f yang dievaluasi pada titik ekuilibrium. Matriks Jacobian memberikan representasi linear dari dinamika sistem di titik $\bar{x}$. sehingga analisis nilai eigen dari $J_f(\bar{x})$ menentukan kestabilan lokal (Murray, 2002).

Titik kesetimbangan dikatakan stabil apabila untuk setiap $\varepsilon > 0$ terdapat $\delta > 0$ sehingga $\|x(0) - \bar{x}\| < \delta$ mengakibatkan $\|x(t) - \bar{x}\| < \varepsilon$ untuk setiap $t \geq 0$. Artinya, gangguan awal yang cukup kecil hanya menghasilkan penyimpangan yang tetap kecil terhadap titik kesetimbangan. Selain menggunakan analisis nilai

eigen, titik kestabilan juga dapat ditentukan menggunakan Kriteria Routh-Hurwitz. Kriteria ini digunakan untuk menilai kestabilan sistem dengan memeriksa koefisien polinomial, misalkan diberikan polinomial karakteristik sebagai berikut:

$$P(\lambda) = a_0\lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + \dots + a_{n-1}\lambda + a_n \quad (2.6)$$

dengan syarat $a_0 > 0$, Kriteria Hurwitz menyatakan bahwa semua akar $P(\lambda)$ memiliki $Re(\lambda) < 0$ jika dan hanya jika seluruh determinan submatriks (D_k) dari Matriks Hurwitz bernilai positif. Matriks Hurwitz dibangun dari koefisien-koefisien a_i pada polinomial karakteristik. Bentuk umum matriks Hurwitz dituliskan sebagai berikut:

$$H = \begin{pmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & \dots \\ a_0 & a_2 & a_4 & \dots \\ 0 & a_1 & a_3 & \dots \\ 0 & a_0 & a_2 & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix} \quad (2.7)$$

Determinan submatriks utama kiri atas berorde ke- k dinotasikan sebagai D_k bentuk beberapa determinan awal diberikan sebagai berikut :

$$D_1 = [a_1] \quad (2.8)$$

Determinan Hurwitz orde kedua diperoleh dengan submatriks utama kiri atas berukuran 2×2 , yaitu

$$D_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 \\ a_0 & a_2 \end{vmatrix} \quad (2.9)$$

Syarat kestabilan diberikan oleh determinan D_k dari submatriks kiri atas ukuran k , yakni :

$$\det(D_k) > 0. \quad k = 1, 2, \dots, n \quad (2.10)$$

Jika semua $D_k > 0$ maka seluruh akar $P(\lambda)$ berada pada setengah bidang kiri, sehingga titik ekuilibrium stabil. Sebaliknya, Jika $D_k \leq 0$ terdapat akar dengan $Re(\lambda) \geq 0$ yang menunjukkan hilangnya kestabilan. Kriteria ini sangat bermanfaat dalam menganalisis kestabilan model epidemik berdimensi besar tanpa harus menghitung akar secara eksplisit (Derouich & Boutayeb, 2008)

2.4 Bilangan Reproduksi

Bilangan reproduksi dasar R_0 adalah jumlah rata-rata kasus infeksi baru yang ditimbulkan oleh seorang individu terinfeksi dalam suatu populasi yang seluruh individunya masih rentan terhadap penyakit. Nilai R_0 berfungsi untuk mengukur tingkat penyebaran suatu penyakit dan sering disebut sebagai nilai epidemi pandemi, karena menentukan apakah suatu penyakit akan menyebar atau justru menghilang dari populasi (Antman dkk 2010). Nilai R_0 diperoleh dengan pendekatan Next Generation Matrix (NGM), metode ini didasarkan pada linearisasi subsistem terinfeksi di sekitar titik ekuilibrium bebas penyakit (Diekmann et al., 2002).

$$\dot{x} = (F - V)x \quad (2.11)$$

dengan matriks F menggambarkan laju munculnya infeksi baru, sedangkan matriks V merepresentasikan laju transisi keluar dari status terinfeksi akibat pemulihan, kematian maupun perpindahan ke kompartemen lain. Kedua matriks ini kemudian digunakan untuk membentuk NGM.

$$K = FV^{-1} \quad (2.12)$$

Bilangan reproduksi dasar diperoleh dari radius spektral matriks tersebut, yaitu nilai eigen dengan nilai mutlak terbesar. Secara matematis, radius spektral didefinisikan sebagai $\rho(K) = \max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|, \dots, |\lambda_n|\}$ sehingga diperoleh.

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) \quad (2.13)$$

Beberapa kemungkinan kondisi yang akan muncul dari bilangan reproduksi dasar, adalah :

1. Jika $R_0 < 1$, maka satu individu terinfeksi menularkan penyakit kepada kurang dari satu individu lainnya.
2. Jika $R_0 = 1$, maka satu individu terinfeksi menularkan penyakit hanya kepada satu individu lainnya.
3. Jika $R_0 > 1$, maka satu individu terinfeksi menularkan penyakit kepada lebih dari satu individu lainnya.

2.5 Solusi Numerik untuk Sistem Persamaan Diferensial

Penyelesaian sistem persamaan diferensial yang bersifat nonlinear umumnya tidak dapat dilakukan secara analitik, sehingga diperlukan metode numerik untuk memperoleh pendekatan solusi (Nurhidayanti, 2025). Metode numerik secara umum dibagi menjadi dua kelompok, yaitu metode satu langkah dan metode banyak langkah. Nilai solusi berikutnya dihitung berdasarkan nilai solusi pada langkah sebelumnya, sedangkan metode banyak langkah memerlukan nilai beberapa titik sebelumnya untuk menentukan solusi baru. Salah satu metode yang digunakan untuk metode satu langkah yaitu menggunakan Metode Runge-Kutta orde 4 (RK4). Metode RK4 merupakan salah satu metode satu langkah yang banyak digunakan karena mampu memberikan pendekatan solusi dengan akurasi orde empat, sehingga menghasilkan galat yang relatif kecil pada setiap langkah perhitungan. Sifat ini menjadikan RK4 stabil dan efisien dalam penyelesaian Persamaan Diferensial Biasa (PDB), termasuk dalam model epidemi (Burden & Faires, 2011). Adapun bentuk umum Metode Runge – Kutta orde 4 dinyatakan sebagai berikut:

$$y_{i+1} = y_i + \frac{h}{6} (k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) \quad (2.14)$$

dengan y_{i+1} merupakan nilai pendekatan solusi pada langkah berikutnya dan y_i adalah nilai solusi pada langkah sebelumnya, dan h merupakan jarak interval dari t_i menuju t_{i+1} . Nilai h mempengaruhi tingkat ketelitian solusi, semakin kecil nilai h maka pendekatan solusi semakin akurat, meskipun membutuhkan proses komputasi yang lebih banyak, dengan estimasi gradien sebagai berikut :

$$k_1 = f(t_i, y_i) \quad (2.15)$$

$$k_2 = f\left(t_i + \frac{h}{2}, y_i + \frac{h}{2}k_1\right) \quad (2.16)$$

$$k_3 = f\left(t_i + \frac{h}{2}, y_i + \frac{h}{2}k_2\right) \quad (2.17)$$

$$k_4 = f(t_i + h, y_i + hk_3) \quad (2.18)$$

Nilai k_1, k_2, k_3, k_4 merupakan estimasi kemiringan (laju perubahan) fungsi yang dihitung secara bertahap dalam satu interval waktu. Pada persamaan tersebut, t_i menyatakan titik waktu pada langkah ke- i , sedangkan y_i merupakan nilai pendekatan solusi pada waktu t_i . Nilai k_1 menyatakan nilai kemiringan pada awal interval, sedangkan k_2 dan k_3 merupakan estimasi kemiringan pada titik tengah interval yang digunakan untuk meningkatkan ketelitian pendekatan solusi. Selanjutnya, k_4 menyatakan kemiringan pada akhir interval waktu. Keempat nilai kemiringan tersebut digunakan untuk memperoleh pendekatan solusi pada langkah berikutnya.



BAB 3. METODOLOGI PENELITIAN

3.1 Prosedur Penelitian

Adapun prosedur penelitian yang dilakukan oleh penelitian yaitu sebagai berikut:

1. Penelitian ini melakukan studi literatur untuk mengetahui konsep dan hasil dari penelitian terdahulu, serta menganalisis peluang yang dapat dikaji atau dikembangkan dari penelitian sebelumnya pada Subbab (2.1) dan (2.2) untuk perkembangan model Subbab (2.3), (2.4) dan (2.5) untuk memperdalam konsep terkait analisis kestabilan.
2. Pengambilan data berasal dari Dinas Kesehatan (Dinkes) Kabupaten Jember pada tahun 2025 dan dari Badan Pusat Statistik (BPS) Kabupaten Jember 2025. Data yang digunakan merupakan akumulasi selama 10 bulan pengamatan pada tahun 2025. Berikut data yang akan digunakan.

Tabel 3.1 Data Penelitian

No	Data penelitian	Jumlah (Jiwa)
1	Jumlah penduduk (N)	2.615.874
3	Kelahiran	128.401
4	Populasi yang rentan	2.261.273
5	Populasi yang terinfeksi	3.553
6	Populasi terpapar	7.658
7	Populasi yang di karantina	1.196
8	Jumlah Kematian	5
9	Vaksinasi Pertama (V_1)	115.561
10	Vaksinasi Kedua (V_2)	98.227

3. Penentuan titik kesetimbangan dilakukan dengan menurunkan sistem persamaan diferensial model SV_1V_2EIQR dengan Persamaan (2. 2). Titik kesetimbangan bebas penyakit (*disease-free equilibrium*) diperoleh dengan mensyaratkan bahwa kompartemen $E = I = 0$. Selanjutnya ditentukan pula titik kesetimbangan endemik (*endemic equilibrium*) untuk kondisi ketika $E \neq 0$ dan $I \neq 0$, sebagaimana disebutkan pada Subbab (2. 3).
4. Menganalisis kestabilan dengan matriks Jacobian dalam Persamaan (2. 5). Setelah titik kesetimbangan diperoleh, matriks Jacobian dievaluasi pada masing-

masing titik kesetimbangan untuk mengetahui dinamika lokal sistem. Kestabilan ditentukan berdasarkan tanda bagian real dari nilai eigen yang diperoleh melalui penyelesaian Persamaan Karakteristik (2. 4). Untuk model dengan derajat polinomial tinggi kestabilan dapat diuji menggunakan kriteria Routh-Hurwitz (2. 6).

5. Menghitung bilangan reproduksi dasar (R_0) diperoleh menggunakan pendekatan *Next Generation Matrix (NGM)* dengan memisahkan matriks transmisi infeksi dan matriks transisi keluar dari kompartemen infeksi. Berdasarkan Persamaan (2.13) nilai R_0 diperoleh dari nilai eigen terbesar dari *NGM*.
6. Menentukan nilai parameter model ditentukan berdasarkan kombinasi data sekunder yang diperoleh dari BPS dan Dinas Kesehatan Kabupaten Jember tahun 2025.

Tabel 3. 2 Data Parameter

Parameter	Keterangan	Nilai Parameter
ϕ	Laju kelahiran individu yang masuk populasi rentan	0,0049
θ	Laju vaksinasi dosis pertama pada individu rentan	0,05
σ_1	Laju perpindahan individu dari vaksin pertama ke dosis kedua	0,85
σ_2	Laju individu pada kompartemen vaksin dosis kedua yang memperoleh kekebalan dan berpindah ke kompartemen sembuh	0,13
α	Laju penularan penyakit campak akibat kontak terhadap individu rentan dan individu terinfeksi	0,33
β	Laju infeksi pada individu yang telah menerima vaksin dosis pertama akibat kegagalan perlindungan vaksin	0,0066
ε	Laju perkembangan individu terpapar menjadi individu terinfeksi	0,3
k	Laju perpindahan individu terinfeksi ke individu karantina	0,33
γ_1	Laju kesembuhan individu pada karantina	0,43
γ_2	Laju kesembuhan individu terinfeksi yang tidak menjalani karantina	0,10
δ	Laju kematian akibat penyakit campak pada individu terinfeksi	0,01
μ	Laju kematian alami populasi	0,059

7. Simulasi model SV_1V_2EIQR pada penyakit campak dilakukan dengan menyelesaikan sistem persamaan diferensial model SV_1V_2EIQR dalam waktu rentang tertentu untuk melihat dinamika populasi. Parameter yang diperoleh dari data sekunder digunakan sebagai input dalam penyelesaian numerik,

sedangkan nilai awal kompartemen dihitung berdasarkan proporsi masing-masing kompartemen terhadap total populasi yang tercatat pada laporan Dinas Kesehatan Kabupaten Jember Tabel 3.1.

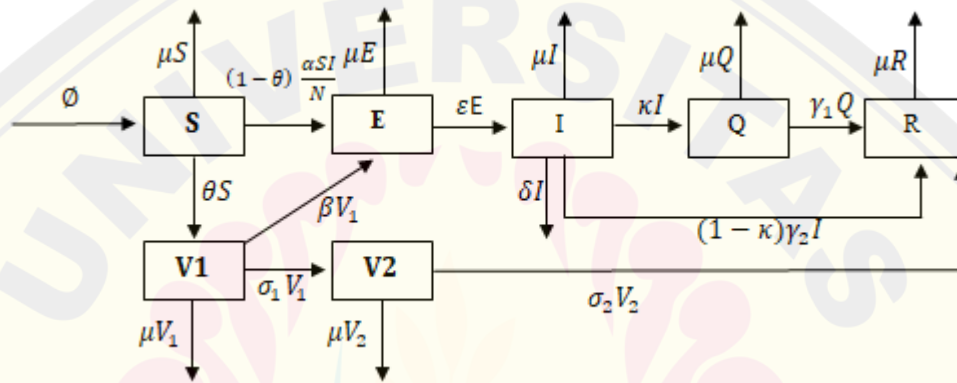
3.2 Analisis Hasil

Analisis hasil dilakukan untuk menghasilkan grafik dari simulasi numerik. Perubahan pada kompartemen SV_1V_2EIQR dievaluasi untuk menentukan dampak vaksinasi dan karantina dalam mengendalikan penyebaran campak. Grafik kompartemen E dan I diamati dengan memastikan apakah jumlah terpapar dan terinfeksi menurun menuju nol sesuai syarat kestabilan $R_0 < 1$. Selain itu, perubahan populasi rentan S serta peningkatan populasi vaksinasi V_1 dan V_2 menjadi indikator keberhasilan program imunisasi. Hasil analisis ini digunakan untuk menarik kesimpulan terkait dinamika penyebaran penyakit campak.

BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Model Penyebaran Penyakit Campak

Model SV_1V_2EIQR merupakan pengembangan dari model SIR yang digunakan untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit menular dalam suatu populasi. Pada penelitian ini, populasi dibagi menjadi tujuh kompartemen. Diagram kompartemen pada model SV_1V_2EIQR ditunjukkan pada Gambar 4.1 berikut:



Gambar 4.1 Model SV_1V_2EIQR

Berdasarkan ilustrasi model dengan tujuh kompartemen yaitu SV_1V_2EIQR , diperoleh sistem Persamaan diferensial yang menggambarkan dinamika penyebaran penyakit campak dalam populasi. Laju perubahan jumlah individu *susceptible* dipengaruhi oleh laju kelahiran ϕ , dengan mengasumsikan bahwa seluruh individu yang baru lahir masuk ke dalam kompartemen *susceptible*. Jumlah individu pada kompartemen S berkurang akibat interaksi dengan individu infected $\frac{\alpha SI}{N}$, vaksinasi tahap pertama dengan laju θS , dan kematian alami μS . Pada kompartemen V_1 Jumlah individu berkurang karena menerima vaksinasi lanjutan menuju kompartemen V_2 dengan laju $\sigma_1 V_1$, mengalami laju perpindahan menuju kompartemen *exposed* dengan laju βV_1 , serta kematian alami sebesar μV_1 , hal ini menunjukkan bahwa vaksin tahap pertama belum memberikan perlindungan secara optimal sehingga individu masih beresiko terpapar penyakit. Selanjutnya individu pada kompartemen V_2 diasumsikan telah memiliki kekebalan yang lebih baik

sehingga individu dapat berpindah ke kompartemen *recovered* dengan laju $\sigma_2 V_2$, serta mengalami kematian alami sebesar μV_2 . Kompartemen terpapar (E) menggambarkan individu yang telah terinfeksi penyakit dan berada pada masa inkubasi, yaitu kondisi ketika virus telah berada di dalam tubuh namun individu belum menunjukkan gejala dan belum mampu menularkan penyakit kepada individu lain. Jumlah kompartemen E bertambah melalui interaksi antara individu rentan dan individu infeksi dengan laju $\frac{\alpha SI}{N}$, serta dari individu pada kompartemen vaksin pertama yang masih memiliki kemungkinan terpapar penyakit βV_1 . Selanjutnya individu pada kompartemen *exposed* berkembang menjadi individu *infected* dengan laju εE dan berkurang akibat kematian alami sebesar μE . Kompartemen *infected* menggambarkan individu telah mampu menularkan penyakit kepada populasi rentan melalui kontak langsung maupun interaksi dalam populasi. Individu pada kompartemen *infected*, dapat memasuki karantina dengan laju κI , sembuh tanpa karantina dengan laju $(1 - \kappa)\gamma_2 I$, serta mengalami kematian alami sebesar μI , dan mengalami kematian sebab penyakit sebesar δI . Individu yang mengalami karantina Q dapat sembuh dengan laju $\gamma_1 Q$ dan berpindah ke kompartemen *Recovered* (R), serta berkurang akibat kematian alami sebesar μQ . Kompartemen *Recovered* (R) bertambah dari individu yang sembuh tanpa karantina sebesar $(1 - \kappa)\gamma_2 I$, individu yang sembuh dari karantina sebesar $\gamma_1 Q$, serta individu dari kompartemen V_2 sebesar $\sigma_2 V_2$ dan berkurang akibat kematian alami sebesar μR . Secara umum seluruh kompartemen mengalami pengurangan akibat kematian alami dengan laju μ . Sistem ini menunjukkan bahwa dinamika penyebaran penyakit dipengaruhi oleh interaksi antara proses infeksi, vaksinasi bertahap, karantina, dan proses kesembuhan dalam populasi.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \phi - (1 - \theta) \frac{\alpha SI}{N} - \theta S - \mu S, \\ \frac{dV_1}{dt} = \theta S - \sigma_1 V_1 - \beta V_1 - \mu V_1, \\ \frac{dV_2}{dt} = \sigma_1 V_1 - \sigma_2 V_2 - \mu V_2, \\ \frac{dE}{dt} = (1 - \theta) \frac{\alpha SI}{N} + \beta V_1 - (\varepsilon + \mu) E, \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - (\kappa + (1 - \kappa) \gamma_2 + \mu + \delta) I \\ \frac{dQ}{dt} = \kappa I - (\gamma_1 + \mu) Q, \\ \frac{dR}{dt} = (1 - \kappa) \gamma_2 I + \gamma_1 Q + \sigma_2 V_2 - \mu R \end{cases} \quad (4.1)$$

4.2 Titik Keseimbangan Model Penyebaran Penyakit Campak

Titik kesetimbangan model penyebaran penyakit campak ditentukan berdasarkan sistem Persamaan diferensial yang telah diperoleh pada Persamaan (4.1). Berdasarkan definisi pada Persamaan (2.3), titik kesetimbangan diperoleh dengan mensubstitusikan kondisi bahwa laju perubahan setiap kompartemen terhadap waktu sama dengan nol, yaitu:

$$\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dV_1}{dt} = 0, \frac{dV_2}{dt} = 0, \frac{dE}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \frac{dQ}{dt} = 0, \frac{dR}{dt} = 0 \quad (4,2)$$

dengan mensubstitusikan kondisi tersebut ke dalam Persamaan (4.1), diperoleh sistem Persamaan sebagai berikut :

$$\begin{cases} \phi - (1 - \theta) \frac{\alpha SI}{N} - \theta S - \mu S = 0 \\ \theta S - \sigma_1 V_1 - \beta V_1 - \mu V_1 = 0 \\ \sigma_1 V_1 - (\sigma_2 + \mu) V_2 = 0 \\ (1 - \theta) \frac{\alpha SI}{N} + \beta V_1 - (\varepsilon + \mu) E = 0 \\ \varepsilon E - (\kappa + (1 - \kappa) \gamma_2 + \mu + \delta) I = 0 \\ \kappa I - (\gamma_1 + \mu) Q = 0 \\ (1 - \kappa) \gamma_2 I + \gamma_1 Q + \sigma_2 V_2 - \mu R = 0 \end{cases} \quad (4,3)$$

Sistem Persamaan (4.3) selanjutnya digunakan untuk menentukan titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik dari model.

4.2.1 Titik kesetimbangan bebas penyakit (DFE)

Titik kesetimbangan bebas penyakit diperoleh dengan mengasumsikan bahwa tidak terdapat individu yang terinfeksi di dalam populasi. Oleh karena itu, jumlah individu pada kompartemen terpapar, terinfeksi, dan karantina bernilai nol, yaitu $E = I = Q = 0$. Berdasarkan kondisi kesetimbangan, seluruh turunan terhadap waktu disamakan dengan nol, sehingga sistem Persamaan (4.3) diperoleh sistem Persamaan sebagai berikut:

$$\begin{cases} \phi - (\theta + \mu)S = 0 \\ \theta S - (\sigma_1 + \beta + \mu)V_1 = 0 \\ \sigma_1 V_1 - (\sigma_2 + \mu)V_2 = 0 \\ E = 0 \\ I = 0 \\ Q = 0 \\ \sigma_2 V_2 - \mu R = 0 \end{cases} \quad (4,4)$$

dengan menyelesaikan sistem persamaan tersebut, diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit sebagai berikut:

$$E_0 = \left(\frac{\phi}{(\theta + \mu)} \cdot \frac{\theta \phi}{(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)} \cdot \frac{\sigma_1 \theta \phi}{(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)(\sigma_2 + \mu)} \cdot 0.0.0. \frac{\sigma_1 \sigma_2 \theta \phi}{\mu(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)(\sigma_2 + \mu)} \right) \quad (4,5)$$

Setelah di dapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit pada persamaan (4.5) selanjutnya menghitung nilai numerik E_0 dengan memasukan parameter yang ada pada tabel (3.2) dengan perhitungan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} S &= \frac{\phi}{\theta + \mu} = \frac{0.0049}{0.05 + 0.059} = \frac{0.0049}{0.109} = 0.0449 \\ V_1 &= \frac{\theta \phi}{(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)} = \frac{0.05 \times 0.0049}{(0.05 + 0.059)(0.85 + 0.0066 + 0.059)} \\ &= \frac{0.000245}{0.0998} = 0,00246 \end{aligned}$$

(4. 6)

$$\begin{aligned}
 V_2 &= \frac{\sigma_1 \theta \phi}{(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)(\sigma_2 + \mu)} \\
 &= \frac{0.85 \times 0.05 \times 0.0049}{(0.05 + 0.059)(0.85 + 0.0066 + 0.059)(0.85 + 0.059)} = \frac{0.000208}{0.01886} \\
 &= 0.01104
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 R &= \frac{\sigma_1 \sigma_2 \theta \phi}{\mu(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)(\sigma_2 + \mu)} \\
 &= \frac{0.85 \times 0.13 \times 0.05 \times 0.0049}{0.059(0.05 + 0.059)(0.85 + 0.0066 + 0.059)(0.85 + 0.059)} \\
 &= \frac{0.000027095}{0.001112} = 0,024332
 \end{aligned}$$

Setelah didapatkan persamaan (4.6) maka di dapatkan hasil sebagai berikut:

$$E_0 = (0.04495, 0.00246, 0.01104, 0, 0, 0, 0.02432) \quad (4.7)$$

4.2.2 Titik kesetimbangan Endemik

Titik kesetimbangan endemik merupakan kondisi ketika penyakit tetap bertahan dalam populasi. Pada kondisi ini jumlah individu pada setiap kompartemen tidak berubah terhadap waktu, namun penyakit tidak menghilang karena masih terdapat individu yang terpapar dan terinfeksi ($E^* > 0, I^* > 0$). Titik kesetimbangan endemik dinotasikan dengan $E^* = (S^*, V_1^*, V_2^*, E^*, I^*, Q^*, R^*)$, Diperoleh sistem Persamaan (4.8) sebagai berikut:

$$\begin{cases}
 \phi - \frac{(1 - \theta)\alpha S^* I^*}{N} - \theta S^* - \mu S^* = 0 \\
 \theta S^* - (\sigma_1 + \beta + \mu)V_1^* = 0 \\
 \sigma_1 V_1^* - (\sigma_2 + \mu)V_2^* = 0 \\
 \frac{(1 - \theta)\alpha S^* I^*}{N} + \beta V_1^* - (\varepsilon + \mu)E^* = 0 \\
 \varepsilon E^* - (\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)I^* = 0 \\
 \kappa I^* - (\gamma_1 + \mu)Q^* = 0 \\
 (1 - \kappa)\gamma_2 I^* + \gamma_1 Q^* + \sigma_2 V_2^* - \mu R^* = 0
 \end{cases} \quad (4.8)$$

dari Persamaan (4.8) pada kompartemen S^* diperoleh persamaan sebagai berikut:

$$0 = \phi - \frac{(1 - \theta)\alpha S^* I^*}{N} - \theta S^* - \mu S^* \Rightarrow S^* = \frac{\phi}{\frac{(1 - \theta)\alpha I^*}{N} + \theta + \mu} \quad (4,9)$$

Nilai populasi rentan pada keadaan endemik dipengaruhi oleh kelahiran, infeksi, vaksinasi, dan kematian alami. Selanjutnya, dari Persamaan (4.8) pada kompartemen V^* diperoleh :

$$0 = \theta S^* - (\sigma_1 + \beta + \mu)V_1^* \Rightarrow V_1^* = \frac{\theta S^*}{\sigma_1 + \beta + \mu} \quad (4,10)$$

Jumlah individu pada kompartemen *vaccinated* pertama dipengaruhi oleh laju vaksinasi dan berpindah ke vaksin kedua, dari kompartemen V_2^* diperoleh :

$$0 = \sigma_1 V_1^* - (\sigma_2 + \mu)V_2^* \Rightarrow V_2^* = \frac{\sigma_1 V_1^*}{\sigma_2 + \mu} \quad (4,11)$$

Selanjutnya, pada kompartemen E^* diperoleh:

$$\begin{aligned} 0 &= \frac{(1 - \theta)\alpha S^* I^*}{N} + \beta V_1^* - (\varepsilon + \mu)E^* \\ \Rightarrow E^* &= \frac{\frac{(1 - \theta)\alpha S^* I^*}{N} + \beta V_1^*}{\varepsilon + \mu} \end{aligned} \quad (4. 12)$$

Dari kompartemen I^* diperoleh :

$$0 = \varepsilon E^* - (\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)I^* \Rightarrow I^* = \frac{\varepsilon E^*}{\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta} \quad (4,13)$$

Selanjutnya, pada kompartemen Q^* diperoleh:

$$0 = \kappa I^* - (\gamma_1 + \mu)Q^* \Rightarrow Q^* = \frac{\kappa I^*}{\gamma_1 + \mu} \quad (4,14)$$

Selanjutnya, pada kompartemen R^* diperoleh:

$$\begin{aligned} 0 &= (1 - \kappa)\gamma_2 I^* + \gamma_1 Q^* + \sigma_2 V_2^* - \mu R^* \\ \Rightarrow R^* &= \frac{(1 - \kappa)\gamma_2 I^* + \gamma_1 Q^* + \sigma_2 V_2^*}{\mu} \end{aligned} \quad (4. 15)$$

dengan mensubstitusikan hasil setiap kompartemen, maka titik kesetimbangan endemik diperoleh $E^* = (S^*.V_1^*.V_2^*.E^*.I^*.Q^*.R^*)$ dimana setiap kompartemen memenuhi hubungan:

$$S^* = \frac{\phi}{\frac{(1 - \theta)\alpha I^*}{N} + \theta + \mu}$$

$$\begin{aligned}
V_1^* &= \frac{\theta S^*}{\sigma_1 + \beta + \mu} \\
V_2^* &= \frac{\sigma_1 V_1^*}{\sigma_2 + \mu} \\
E^* &= \frac{\frac{(1 - \theta)\alpha S^* I^*}{N} + \beta V_1^*}{\varepsilon + \mu} \\
I^* &= \frac{\varepsilon E^*}{\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta} \\
Q^* &= \frac{\kappa I^*}{\gamma_1 + \mu} \\
R^* &= \frac{(1 - \kappa)\gamma_2 I^* + \gamma_1 Q^* + \sigma_2 V_2^*}{\mu}
\end{aligned} \tag{4.16}$$

4.3 Bilangan Reproduksi

Bilangan reproduksi dasar R_0 ditentukan menggunakan pendekatan *Next Generation Matrix* sebagaimana dijelaskan pada Subbab 2.4. Metode ini dilakukan dengan dilinearisasi subsistem kompartemen *infected* di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit. Sehingga dapat di tuliskan Persamaan (4.17) sebagai berikut:

$$\begin{cases} \frac{dE}{dt} = (1 - \theta)\alpha \frac{SI}{N} + \beta V_1 - (\varepsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - (\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)I \end{cases} \tag{4.17}$$

Berdasarkan Persamaan (4.17), dilakukan linearisasi pada subsitem disekitar titik ketimbangan bebas penyakit untuk memperoleh matriks jacobian pada Persamaan (4.18) sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} -(\varepsilon + \mu) & (1 - \theta)\frac{\alpha S}{N} \\ \varepsilon & -(\kappa + \mu + (1 - \kappa)\gamma_2 + \delta) \end{bmatrix} \tag{4.18}$$

Selanjutnya, titik kesetimbangan bebas penyakit pada persamaan (4.5)

$$E_0 = \left(\frac{\phi}{(\theta + \mu)} \cdot \frac{\theta \phi}{(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)} \cdot \frac{\sigma_1 \theta \phi}{(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)(\sigma_2 + \mu)} \cdot 0.0.0. \frac{\sigma_1 \sigma_2 \theta \phi}{\mu(\theta + \mu)(\sigma_1 + \beta + \mu)(\sigma_2 + \mu)} \right),$$

disubstitusikan ke dalam persamaan (4.18), sehingga diperoleh matriks jacobian pada titik kesetimbangan bebas penyakit sebagai berikut:

$$J[E_0] = \begin{bmatrix} -(\varepsilon + \mu) & (1 - \theta) \frac{\alpha}{N} - \left(\frac{\phi}{\theta + \mu} \right) \\ \varepsilon & -(\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) \end{bmatrix} \quad (4.19)$$

Matriks jacobian menggambarkan laju perubahan kecil pada kompartemen infeksi di sekitar titik bebas penyakit. Maka sistem dipisahkan menjadi laju infeksi baru (F) dan laju transisi keluar kompartemen terinfeksi (V). Berdasarkan subsistem terinfeksi diperoleh matriks jacobian F dan V pada titik bebas penyakit sebagai berikut:

$$F = \begin{bmatrix} 0 & (1 - \theta) \frac{\alpha}{N} - \left(\frac{\phi}{\theta + \mu} \right) \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (4.20)$$

$$V = \begin{bmatrix} \varepsilon + \mu & 0 \\ -\varepsilon & \kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta \end{bmatrix}$$

sehingga berlaku hubungan $J = F - V$ yang menghasilkan matriks jacobian sistem terinfeksi. Selanjutnya mencari nilai V^{-1} sehingga didapatkan Persamaan (4.21) sebagai berikut:

$$V^{-1} = \frac{1}{(\varepsilon + \mu)(\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)} \begin{pmatrix} (\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) & 0 \\ \varepsilon & \varepsilon + \mu \end{pmatrix} \quad (4.21)$$

Setelah didapatkan Persamaan (4.21). Maka, R_0 yang diperoleh dari $\rho(FV^{-1})$ sebagai berikut:

$$R_0 = \frac{(1 - \theta)\alpha\phi\varepsilon}{N(\theta + \mu)(\varepsilon + \mu)(\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)} \quad (4.22)$$

dengan mensubstitusikan nilai-nilai parameter pada tabel (3.3) ke Persamaan (4.22), diperoleh nilai bilangan reproduksi dasar sebesar $R_0 \approx 0.00000026$. Karena $R_0 < 1$, setiap individu terinfeksi menghasilkan kurang dari satu kasus infeksi baru, sehingga penyakit tidak dapat menyebar dalam populasi. Dengan demikian, titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal.

4.4 Analisis kestabilan Model

Analisis kestabilan model dilakukan dengan melinierisasi sistem Persamaan diferensial nonlinier menggunakan matriks jacobian dari sistem Persamaan pada

Persamaan (4.1). Matriks jacobian diperoleh dengan menurunkan setiap Persamaan terhadap setiap variabel keadaan sehingga diperoleh bentuk umum matriks jacobian sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} -\frac{(1-\theta)\alpha I}{N} - \theta - \mu & 0 & 0 & 0 & -\frac{(1-\theta)\alpha S}{N} & 0 & 0 \\ \theta & -(\sigma_1 + \beta + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_1 & -(\sigma_2 + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{(1-\theta)\alpha I}{N} & \beta & 0 & -(\varepsilon + \mu) & \frac{(1-\theta)\alpha S}{N} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -(\kappa + (1-\kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) & -(\gamma_1 + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_2 & 0 & \frac{\kappa}{(1-\kappa)\gamma_2} & \gamma_1 & -\mu \end{bmatrix} \quad (4.23)$$

Analisis kestabilan model ini dilakukan dengan mengevaluasi matriks jacobian pada titik kesetimbangan bebas penyakit dan kesetimbangan endemik.

4.4.1 Analisis Kestabilan Titik Bebas Penyakit

Berdasarkan Persamaan (4.5) analisis kestabilan lokal disekitar titik kesetimbangan bebas penyakit dilakukan dengan melinearisasi sistem persamaan diferensial nonlinear pada Persaman (4.1) menggunakan matriks jacobian (4.23), selanjutnya titik kesetimbangan bebas penyakit disubstitusikan ke dalam matriks jacobian sehingga diperoleh matriks jacobian pada titik bebas penyakit sebagai berikut:

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -(\theta + \mu) & \theta & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -(\sigma_1 + \beta + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_1 & -(\sigma_2 + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta & 0 & -(\varepsilon + \mu) & \varepsilon & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -(\kappa + (1-\kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) & -(\gamma_1 + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{\kappa}{(1-\kappa)\gamma_2} & \gamma_1 & -\mu \end{bmatrix} \quad (4.24)$$

Persamaan karakteristik untuk mencari nilai eigen dari matriks jacobian pada Persamaan (4.22) didapatkan $\det(J(E_0) - \lambda I) = 0$, Sehingga diperoleh:

$$|J(E_0) - \lambda I| = \begin{bmatrix} -(\theta + \mu) - \lambda & \theta & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \theta & -(\sigma_1 + \beta + \mu) - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_1 & -(\sigma_2 + \mu) - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta & 0 & -(\varepsilon + \mu) - \lambda & \frac{(1-\theta)\alpha\phi}{N(\theta + \mu)} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon & -(\kappa + (1-\kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) - \lambda & -(\gamma_1 + \mu) - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{\kappa}{(1-\kappa)\gamma_2} & \gamma_1 & -\mu - \lambda \end{bmatrix} \quad (4.25)$$

dari persamaan (4.25) diperoleh persamaan karakteristik berikut $(\lambda + \theta + \mu)(\lambda + \sigma_1 + \beta + \mu)(\lambda + \sigma_2 + \mu)(\lambda + \gamma_1 + \mu)(\lambda + \mu)(\lambda^2 + x_1\lambda + x_2) = 0$, dengan menghasilkan nilai eigen yang di tunjukan dalam persamaan 4.24 sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\lambda_1 &= -(\theta + \mu) \\ \lambda_2 &= -(\sigma_1 + \beta + \mu) \\ \lambda_3 &= -(\sigma_2 + \mu) \\ \lambda_4 &= -(\gamma_1 + \mu) \\ \lambda_5 &= -\mu\end{aligned}\tag{4.26}$$

Karena seluruh parameter model bernilai positif, maka kelima nilai eigen persamaan (4.26) bernilai real negatif, selanjutnya dua nilai λ_6 dan λ_7 diperoleh Persamaan kuadrat $\lambda^2 + x_1\lambda + x_2 = 0$ dengan $x_1 = (\varepsilon + \mu) + (\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)$ dan $x_2 = (\varepsilon + \mu)(\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) - \frac{\varepsilon(1-\theta)\alpha\phi}{N(\theta+\mu)}$ menurut Kriteria Routh-Hurwitz untuk polinom orde dua, sistem stabil asimtotik lokal apabila memenuhi $x_1 > 0$ dan $x_2 > 0$ matriks Hurwitz untuk polinom tersebut adalah:

$$H = \begin{bmatrix} x_1 & 0 \\ 1 & x_2 \end{bmatrix}\tag{4.27}$$

dengan determinan hurwitz $\Delta_1 = x_1$ dan $\Delta_2 = x_1x_2$ Karena seluruh parameter model bernilai positif, maka diperoleh $x_1 > 0$ berdasarkan persamaan (4.22), bilangan reproduksi dasar didefinisikan sebagai:

$$R_0 = \frac{(1 - \theta)\alpha\phi\varepsilon}{N(\theta + \mu)(\varepsilon + \mu)(\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)}$$

sehingga bentuk x_2 dapat dituliskan menjadi:

$$x_2 = (\varepsilon + \mu)(\kappa + (1 - \kappa)\gamma_2 + \mu + \delta)(1 - R_0)\tag{4.28}$$

Berdasarkan hasil perhitungan diperoleh nilai bilangan reproduksi $R_0 \approx 0,00000026 < 1$ karena $R_0 < 1$ maka diperoleh $1 - R_0 > 0$ karena $k < 1$ dan $R_0 < 1$ sehingga $x_2 > 0$ maka nilai eigen bernilai negatif. Maka seluruh syarat Kriteria Routh Hurwitz terpenuhi, sehingga titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik lokal.

4.4.2 Analisis Kestabilan Titik Keseimbangan Endemik

Selanjutnya, analisis kestabilan titik keseimbangan endemik dilakukan dengan mensubstitusikan titik keseimbangan endemik ke dalam matriks jacobian sistem pada persamaan (4.23) sehingga diperoleh:

$$J(E^*) = \begin{bmatrix} -\frac{(1-\theta)al^*}{N} - \theta - \mu & \theta & 0 & 0 & -\frac{(1-\theta)aS^*}{N} & 0 & 0 \\ 0 & -(\sigma_1 + \beta + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_1 & -(\sigma_2 + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1-\theta al^*}{N} & \beta & 0 & -(\varepsilon + \mu) & \frac{(1-\theta)aS^*}{N} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -(\kappa + (1-\kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) & -(\gamma_1 + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_2 & 0 & \frac{\kappa}{(1-\kappa)\gamma_2} & \gamma_1 & -\mu \end{bmatrix} \quad (4.30)$$

Nilai eigen diperoleh dari Persamaan karakteristik $\det(J(E^*) - \lambda I) = 0$ sehingga diperoleh:

$$\begin{bmatrix} -\frac{(1-\theta)al^*}{N} - \theta - \mu - \lambda & \theta & 0 & 0 & -\frac{(1-\theta)aS^*}{N} & 0 & 0 \\ 0 & -(\sigma_1 + \beta + \mu) - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_1 & -(\sigma_2 + \mu) - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1-\theta al^*}{N} & \beta & 0 & -(\varepsilon + \mu) - \lambda & \frac{(1-\theta)aS^*}{N} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -(\kappa + (1-\kappa)\gamma_2 + \mu + \delta) - \lambda & -(\gamma_1 + \mu) - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_2 & 0 & \frac{\kappa}{(1-\kappa)\gamma_2} & \gamma_1 & -\mu - \lambda \end{bmatrix} \quad (4.31)$$

Dari persamaan karakteristik berikut $(\lambda + \sigma_1 + \beta + \mu)(\lambda + \sigma_2 + \mu)(\lambda + \gamma_1 + \mu)(\lambda + \mu)(\lambda_3 + \gamma_1\lambda_2 + y_2\lambda + y_3) = 0$ sehingga diperoleh empat nilai eigen pertama sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -(\sigma_1 + \beta + \mu) \\ \lambda_2 &= -(\sigma_2 + \mu) \\ \lambda_3 &= -(\gamma_1 + \mu) \\ \lambda_4 &= -\mu, \end{aligned} \quad (4.32)$$

karena seluruh parameter model bernilai positif, maka ketiga nilai eigen persamaan (4.32) bernilai real negatif. selanjutnya tiga nilai eigen lainnya diperoleh submatriks:

$$\begin{bmatrix} -\frac{(1-\theta)al^*}{N} - \theta - \mu - \lambda & 0 & \frac{(1-\theta)aS^*}{N} \\ -\frac{(1-\theta)al^*}{N} & \lambda + \varepsilon + \mu & -\frac{(1-\theta)aS^*}{N} \\ 0 & -\varepsilon & \lambda + \kappa + (1-\kappa)\gamma_2 + \mu + \delta \end{bmatrix} \quad (4.33)$$

Berdasarkan submatriks (4.33) didapatkan polinom karakteristik orde tiga $\lambda^3 + y_1\lambda^2 + y_2\lambda + y_3 = 0$ merupakan koefisien polinom karakteristik yang diperoleh dari hasil determinan submatrik Persamaan (4.33). koefisien tersebut digunakan untuk menentukan kestabilan sistem menggunakan Kriteria Routh-

Hurwitz, berikut Matriks Hurwitz untuk polinom orde tiga diperoleh sebagai berikut:

$$H = \begin{bmatrix} y_1 & y_3 & 0 \\ 1 & y_2 & 0 \\ 0 & y_1 & y_3 \end{bmatrix} \quad (4.34)$$

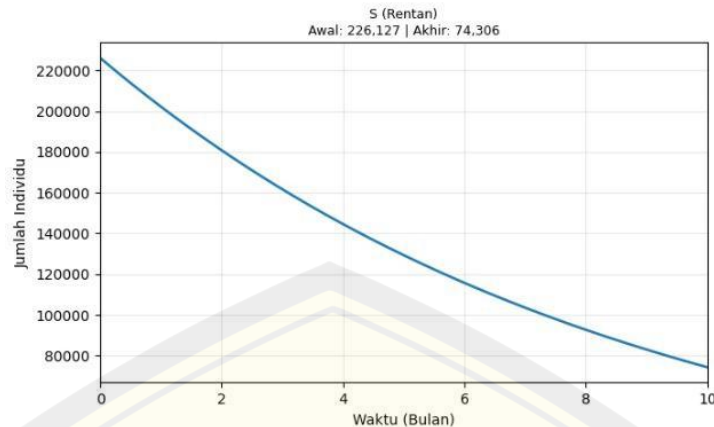
Selanjutnya, determinan Hurwitz diperoleh dari bagian matriks Hurwitz yang diambil secara bertahap mulai dari orde satu, orde dua, hingga orde tiga. diperoleh sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \Delta_1 &= y_1 \\ \Delta_2 &= \begin{vmatrix} y_1 & 0 \\ 1 & y_2 \end{vmatrix} = y_1 y_2 \\ \Delta_3 &= \begin{vmatrix} y_1 & y_3 & 0 \\ 1 & y_2 & 0 \\ 0 & y_1 & y_3 \end{vmatrix} = y_3(y_1 y_2 - y_3) \end{aligned} \quad (4.35)$$

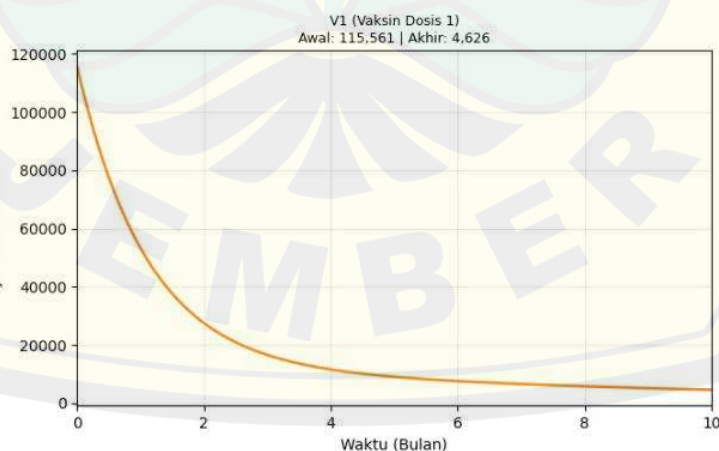
Berdasarkan Kriteria Routh-Hurwitz, sistem bersifat stabil asimtotik lokal apabila $\Delta_1 > 0, \Delta_2 > 0, \Delta_3 > 0$. Dengan demikian, titik kesetimbangan endemik (E^*) bersifat stabil asimtotik lokal.

4.5 Visualisasi model

Metode yang digunakan untuk menentukan model simulasi model SV_1V_2EIQR yaitu metode Runge-Kutta orde 4 dengan bantuan program *Python* berdasarkan nilai parameter dan kondisi awal yang telah ditentukan. Hasil simulasi divisualisasikan dalam bentuk grafik untuk menunjukkan perubahan jumlah populasi dengan rentang waktu yang digunakan yaitu 10 bulan.

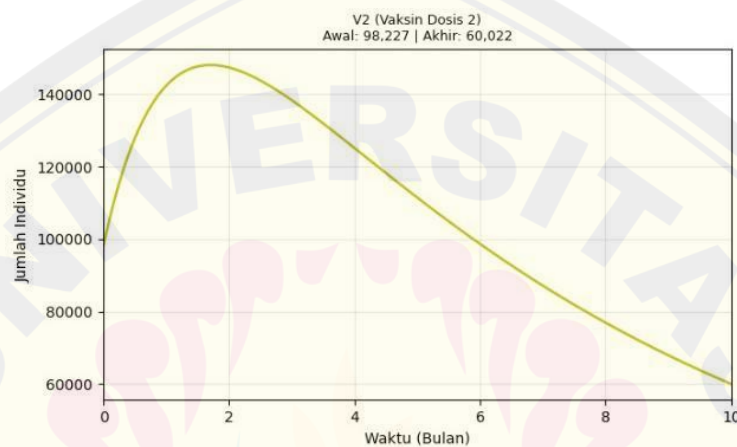
Gambar 4.2 Plot populasi yang *Susceptible*

Gambar 4.2 populasi *Susceptible* pada awal simulasi 226.127 jiwa. Kurva menunjukkan bahwa populasi *Susceptible* mengalami penurunan secara terus-menerus hingga mencapai 74.306 jiwa pada akhir simulasi bulan ke-10. Penurunan ini terjadi karena individu *Susceptible* berpindah ke kompartemen *Vaccinated* dosis V_1 , *Vaccinated* dosis V_2 , maupun menjadi individu *Exposed* akibat kontak dengan individu yang terinfeksi. Laju penurunan pada awal simulasi menunjukkan bahwa laju perpindahan individu kompartemen *Susceptible* ke kompartemen lain. Jumlah individu *Susceptible* semakin berkurang sehingga peluang terjadi kontak yang menyebabkan infeksi baru juga menurun, kondisi ini menunjukkan bahwa program vaksinasi dan proses transisi antar kompartemen mampu mengurangi jumlah populasi yang beresiko tertular penyakit.



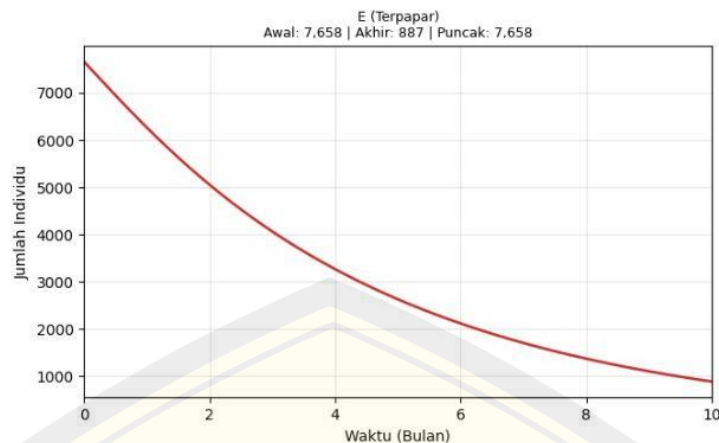
Gambar 4.3 Plot populasi yang divaksin pertama

Gambar 4.3 menunjukkan bahwa pada awal simulasi berjumlah 115.561 jiwa. Jumlah tersebut mengalami penurunan hingga 4.626 jiwa pada akhir simulasi. Penurunan populasi *Vaccinated* dosis pertama terjadi karena sebagian besar individu berpindah ke kompartemen *Vaccinated* dosis kedua maupun mengalami transisi ke kompartemen lain sesuai mekanisme model. Penurunan yang sangat cepat menunjukkan bahwa individu yang telah menerima dosis pertama segera melanjutkan ke tahap vaksinasi berikutnya atau berpindah ke kompartemen lain.



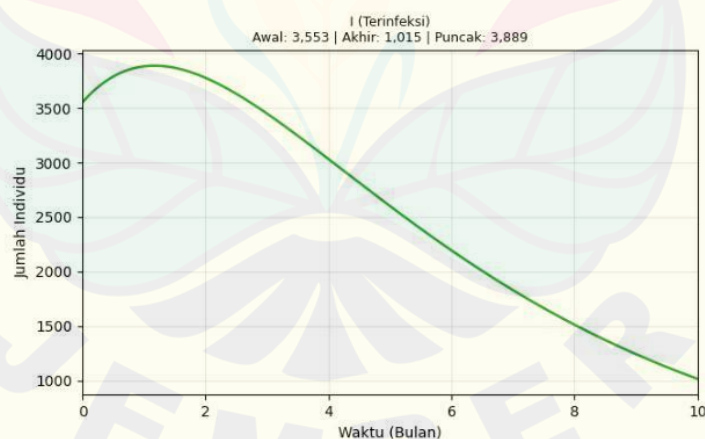
Gambar 4.4 Plot populasi yang divaksin kedua

Gambar 4.4 menunjukkan bahwa pada awal simulasi berjumlah 98.227 jiwa. Pada awal periode simulasi, jumlah individu pada kompartemen ini meningkat hingga mencapai nilai maksimum sekitar 147.362 jiwa pada bulan ke-2. Peningkatan tersebut terjadi karena adanya perpindahan individu dari kompartemen *vaccinated* (V_1) ke kompartemen *vaccinated* (V_2). Setelah mencapai puncaknya, jumlah individu pada kompartemen V_2 menurun secara bertahap hingga mencapai 60.022 jiwa pada akhir simulasi. Penurunan ini terjadi karena sebagian individu pada kompartemen V_2 memperoleh kekebalan dan berpindah ke kompartemen *recovered* (R), serta sebagian mengalami kematian alami. Meskipun mengalami penurunan, jumlah individu yang telah menerima vaksin dosis kedua tetap relatif besar hingga berkontribusi dalam mengurangi populasi rentan.



Gambar 4.5 Plot populasi yang terpapar

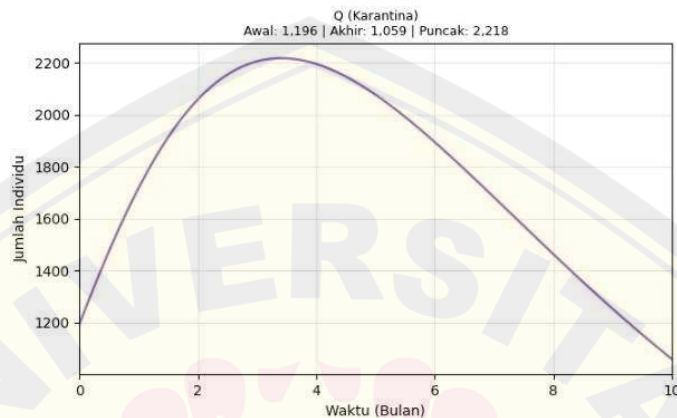
Gambar 4.5 menunjukkan bahwa populasi *Exposed* pada awal simulasi berjumlah 7.658 jiwa dan merupakan nilai maksimum kompartemen selama simulasi. Jumlah individu *exposed* mengalami penurunan secara bertahap hingga mencapai 887 jiwa pada bulan ke-10. Tidak adanya peningkatan pada kompartemen *exposed* menunjukkan bahwa laju masuk individu baru ke fase inkubasi lebih kecil dibandingkan laju perpindahan individu menuju kompartemen *infected*. Kondisi ini mengindikasikan bahwa proses penularan penyakit mulai terkendali selama periode simulasi.



Gambar 4.6 Plot populasi yang terinfeksi

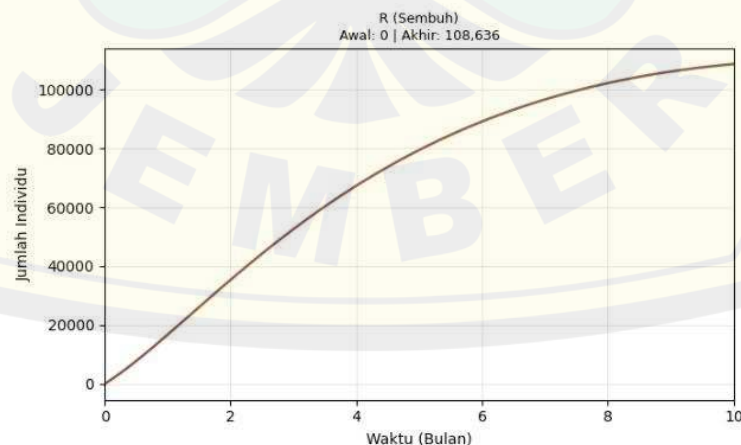
Gambar 4.6 menunjukkan bahwa populasi *Infected* pada awal simulasi berjumlah 3.553 jiwa. Jumlah tersebut meningkat hingga mencapai nilai puncak sebesar 3.889 jiwa. Setelah itu jumlah individu *infected* mengalami penurunan secara bertahap hingga mencapai 1.015 jiwa pada akhir simulasi. Penurunan ini

menunjukkan bahwa laju perpindahan individu dari kompartemen *infected* ke kompartemen *quarantined* dan *recovered* lebih besar dibandingkan laju masuk individu baru dari kompartemen *exposed*, sehingga mampu mengurangi jumlah individu yang aktif menyebarkan penyakit.



Gambar 4.7 Plot populasi yang di karantina

Gambar 4.7 menunjukkan bahwa populasi *Quarantined* pada awal simulasi berjumlah 1.196 jiwa. Jumlah individu dalam *Quarantined* meningkat selama periode simulasi hingga mencapai 2.218 jiwa pada bulan ke-3. Peningkatan ini menunjukkan bahwa individu yang terinfeksi berhasil diidentifikasi dan dipisahkan dari populasi umum sehingga peluang penularan dapat dikurangi. Setelah mencapai puncaknya, jumlah individu yang dikarantina menurun tersebut menunjukkan bahwa sebagian besar individu dalam karantina telah pulih dan berpindah ke kompartemen *Recovered*.



Gambar 4.8 Plot populasi yang sembuh

Gambar 4.8 menunjukkan bahwa populasi Recovered pada awal simulasi berjumlah 0 jiwa. Jumlah individu meningkat hingga mencapai 108.636 jiwa pada akhir bulan ke-10. Peningkatan ini menunjukkan bertambahnya jumlah individu yang berhasil pulih dari penyakit dan memperoleh kekebalan. Kurva yang terus meningkat kemudian melandai pada akhir simulasi, yang mengindikasikan bahwa laju pertambahan individu yang sembuh mulai berkurang sehingga sistem bergerak menuju kondisi yang lebih stabil.



BAB 5. KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian mengenai model penyebaran penyakit campak dengan dua vaksinasi dan karantina SV_1V_2EIQR di Kabupaten Jember, maka diperoleh kesimpulan sebagai berikut:

1. Model matematika SV_1V_2EIQR berhasil dibentuk untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit campak dalam populasi. Model tersebut membagi populasi menjadi tujuh kompartemen serta memperhatikan proses penularan penyakit, vaksinasi bertahap, perpindahan antar kompartemen, serta pengaruh kematian alami dan kematian akibat penyakit, sehingga mampu merepresentasikan dinamika penyebaran campak secara lebih realistis.
2. Berdasarkan hasil analisis kestabilan diperoleh nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 \approx 0.00000026 < 1$. Hal ini menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit (*Disease Free Equilibrium/DFE*) bersifat stabil asimtotik lokal, sehingga penyakit campak tidak dapat menyebar dan akan menghilang dari populasi.

5.2 Saran

Pada penelitian ini, model yang digunakan hanya mempertimbangkan dua tahap vaksinasi dan karantina dalam penyebaran penyakit campak, sehingga pada penelitian selanjutnya model dapat diperdalam dengan menambahkan faktor efektivitas vaksin, penurunan kekebalan, serta menambahkan kontrol optimal pada model.

DAFTAR PUSTAKA

- Antman, S. S.; Holmes, P.; Sirovich, L.; Sreenivasan, K. (2010). *Mathematical models in population biology and epidemiology by Fred Brauer, Carlos Castillo-Chavez* (p. 522).
- Balai Besar Laboratorium Kesehatan Masyarakat Makassar. (2025). *Campak Menyebar Lagi Kenali dan Pahami Cara Sederhana untuk Mencegahnya*. BB Labkesmas Makassar.
- Burden, R. L., & Faires, J. D. (2011). *Numerical Differentiation & Integration Numerical Differentiation I*.
- Chacko, S., Kamal, M., Hastuti, E. B., Mildya, F., Kelyombar, C., Voronika, V., Yosephine, P., Tandy, G., Anisiska, D., Karolina, S., Dewi, L. A., Khanal, S., Bahl, S., Wijayanti, F., Merrill, R. D., Hsu, C. H., & Morales, M. (2023). Progress Toward Measles and Rubella Elimination — Indonesia, 2013–2022. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 72(42), 1134–1139.
- Derouich, M., & Boutayeb, A. (2008). An Avian Influenza Mathematical Model. *Applied Mathematical Sciences*, 2(36), 1749–1760.
- Diah, D. S. (2024). Desain Model Pembelajaran Matematika Menggunakan Pemodelan Matematika. *XXIV*, 1(1), 53–62.
- Hakim, L. (2022). Strategi kontrol optimal model pada penyebaran penyakit campak. *Leibniz: Jurnal Matematika*, 2.
- Hethcote, H. W. (2000). *The mathematics of infectious diseases*. *SIAM Review*, 42(4), 699–653.
- Hirsch, M. W., Smale, S., & Devaney, R. L. (2013). *Differential equations, dynamical systems, and an introduction to chaos*. Academic Press. (3rd ed.).
- Hubu, A. F. D., Achmad, N., & Nurwan. (2020). Model matematika SMEIUR pada

penyebaran penyakit campak dengan faktor pengobatan. *Jambura Journal of Biomathematics*, 1(2), 71–80.

Kamrin. (2023). *Epidemiologi Penyakit Menular*. CV.Eureka Media Aksara.

Kristihandari. (2025). *Lonjakan Kasus Campak di Indonesia 2025: Ancaman Nyata yang Harus Diwaspadai*. GWS Medika.

Murray, J.(2002). *Mathematicl Biology I:An Introducting(3rd ed.)*Springer-Verlag.

Nurhidayanti, M. (2025). *Analisis Numerik pada Persamaan Diferensial Parsial untuk Simulasi Fenomena Fisika*. 1(1), 1–7.

Pangestu, Q., & Hartono, H. (2023). Analisis Kestabilan Titik Equilibrium Dari Model Matematika Penyebaran Penyakit Dbd Di Diy. *Jurnal Kajian Dan Terapan Matematika*, 9(2), 86–96.

World Health Organization. (2025). *Investigation of a measles outbreak in Descriptive epidemiology*. Western Pacific Surveillance and Response Journal, 16(4), 1–7.

Sihotang, W. D., Simbolon, C. C., Hartiny, J., Tindaon, D., & Sinaga, L. P. (2019). Analisis Kestabilan Model SEIR Penyebaran Penyakit Campak dengan Pengaruh Imunisasi dan Vaksin MR. *Jurnal Matematika, Statistika Dan Komputasi*, 16(1), 107–115.

Silvitasari, S., & Pusawidjayanti, K. (2024). Analisis Model Epidemi SVEIR Pada Penyebaran Penyakit Campak dengan Tiga Kali Vaksinasi. *Limits: Journal of Mathematics and Its Applications*, 21(2), 237–250.

Umroh, A., & Mayasari, D. (2024). Penatalaksanaan holistik Penyakit Campak pada balita Usia 3 tahun dengan riwayat belum imunisasi campak dan tingkat pengetahuan keluarga minimal melalui pendekatan kedokteran keluarga di wilayah kerja Puskesmas Sukaraja. *Jurnal of Medula*, 14(4), 1–12.

Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180(1–2), 29–48.



LAMPIRAN-LAMPIRAN

Lampiran 3.1 Surat Izin Penelitian <https://bit.ly/unejSuratIzinPenelitian>

Lampiran 4.1 Skrip Program Phyton <https://bit.ly/unejModelSV1V2EIQR>

