

PEMODELAN MATEMATIKA MSITR PADA PENYAKIT CAMPAK DENGAN FAKTOR PENGOBATAN

Uchy Margahayu

Program Studi Matematika, Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,
Universitas Halu Oleo, Indonesia

Email: ucymargahayu@gmail.com

Asrul Sani¹⁾, Muh. Kabil Djafar²⁾, Norma Muhtar³⁾ dan Edi Cahyono⁴⁾

Program Studi Matematika, Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,
Universitas Halu Oleo, Indonesia

Email: ¹⁾saniasrul1969@gmail.com, ²⁾kabildjafar@gmail.com, ³⁾norma.uho@gmail.com
dan ⁴⁾edi.cahyono@uho.ac.id

ABSTRAK

Pada penelitian ini dibahas penyebaran penyakit campak yang dibuat dalam model matematika. Pemodelan matematika tidak hanyaterbatas dalam dunia matematika tetapi juga dapat diaplikasikan dalam bidang kesehatan. Penyakit campak adalah penyakit dengan tingkat penularan yang tinggi. Penyakit measles (campak) merupakan infeksi virus yang bisa cepat menular dengan ciri-ciri yaitu nyeri ditenggorokan, demam, batuk, dan ruam kulit. Penyakit campak bisa menyebar dengan kontak langsung dengan penderita, udara, batuk atau bersin, dan kotoran manusia. Penyakit campak disebabkan oleh virus akut yaitu, RNA virus genus Morbillivirus, family Paramyxoviridae. Tujuan dari penelitian ini adalah menentukan model MSITR pada penyakit campak dengan faktor pengobatan dan perilaku selesaiannya. Pembentukan model diawali dengan membuat diagram alur penyebaran penyakit campak pada manusia dengan model MSITR. Pada penelitian ini diperoleh dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit danendemik. Setelah mendapatkan titik kesetimbangan, dilakukan analisis untuk mencari kestabilan model tersebut. Selanjutnya, dalam simulasi menghasilkan titik kesetimbangan bebas penyakit stabil pada kondisi bilangan reproduksi dasar kurang dari satu dan titik kesetimbangan endemik stabil pada kondisi bilangan reproduksi dasar lebih dari satu. Pada penelitian ini dilakukan simulasi numerik untuk melihat dinamika populasi dengan melakukan variasi pada nilai-nilai parameter

Kata Kunci: Campak, Model MSITR, Kestabilan Titik Kesetimbangan, Bilangan Reproduksi Dasar.

ABSTRACT

In this study, the spread of measles was discussed using a mathematical model. Mathematical modeling is not only limited to the world of mathematics but can also be applied in the health sector. Measles is a disease with a high transmission rate. Measles disease (measles) is a viral infection that can spread quickly with the characteristics of sore throat, fever, cough and skin rash. Measles can spread by direct contact with sufferers, air, coughing or sneezing, and human feces. Measles is caused by an acute virus, namely, RNA virus of the genus Morbillivirus, family Paramyxoviridae. The purpose of this study was to determine the MSITR model in measles with treatment factors and behavior to solve it. Formation of the model begins with making a flowchart of the spread of measles in humans with the MSITR model. In this study, two equilibrium points were obtained, namely disease-free and endemic equilibrium points. After obtaining the equilibrium point, an analysis is carried out to find the stability of the model. Furthermore, the simulation results in a stable disease-free equilibrium point on conditions of a basic reproduction number of less than one and a stable endemic equilibrium point on conditions of a basic reproduction number of more than one. In this study, a numerical simulation was carried out to see the dynamics of the population by varying the parameter values.

Keywords: Measles, MSITR Model, Stability of Equilibrium Points, Basic Reproduction Number

1. Pendahuluan

Penyakit campak (measles) merupakan infeksi virus yang bisa cepat menular dengan ciri-ciri yaitu nyeri ditenggorokan, demam, batuk, dan ruam kulit.

Penyakit campak juga bisa menyebar melalui kontak langsung dengan penderita, melalui udara, batuk atau

bersin, dan kotoran manusia. Penyakit ini dapat menyerang siapapun tanpa mengenal jenis kelamin maupun usia. Tetapi, penyakit ini rentan menyerang

anak-anak daripada orang dewasa. Hal tersebut dikarenakan daya tahan tubuh anak-anak yang relatif lebih lemah dibanding orang dewasa. Berdasarkan data World Health Organization (WHO), sekitar 164.000 anak di seluruh dunia meninggal dunia setiap tahun karena penyakit campak [1].

Tahun 2005 terjadi kematian di dunia yang disebabkan oleh penyakit campak dengan berkisaran 345.000 kasus dan sekitar 311.000 kasus kematian terjadi pada anak berusia di bawah usia 5 tahun. Tahun 2006 terdapat 242.000 kasus kematian yang disebabkan penyakit campak yang terjadi setiap setiap jamnya. Kejadian campak berkaitan dengan keberhasilan dalam program imunisasi campak. Program imunisasi merupakan salah satu upaya untuk mencegah terjadinya penyakit campak [3].

Solusi untuk mencegah campak pada manusia telah banyak dikembangkan dan dipelajari dari perspektif kesehatan. Salah satu disiplin ilmu yang dapat membantu mengatasi permasalahan tersebut adalah matematika. Pemodelan matematika dapat digunakan untuk menyelesaikan masalah penyebaran campak pada manusia dengan menggunakan asumsi-asumsi tertentu yang dapat diselesaikan baik secara analitik maupun numerik.

Model MSITR menggambarkan bahwa individu yang rentan terserang penyakit menjadi individu yang terinfeksi, setelah itu menjadi individu terobati kemudian menjadi individu sembuh setelah terobati dan kebal terhadap penyakit. Dan juga terdapat individu yang rentan penyakit melakukan imunisasi kemudian akan menjadi individu sembuh dan kebal [2].

Model penyebaran tentang penyakit campak telah banyak dibahas dan diteliti sebelumnya pada jurnal dan studi. Misalnya, Hubu, dkk [4] membuat model matematika SMEIUR pada penyebaran penyakit campak dengan faktor pengobatan. Edward [5] membuat model matematika pengendalian dan eliminasi dinamika penularan campak. Saputra [6] membuat penyebaran penyakit campak di Indonesia dengan model SVIR.

Pada bagian kedua akan dibahas mengenai metode yang diterapkan dalam menyelesaikan penelitian. Pada bagian ketiga akan dibahas mengenai hasil penelitian yang dilakukan berdasarkan prosedur yang ada pada bagian dua. Pada bagian keempat membahas tentang kesimpulan yang berisi tentang uraian singkat tentang hasil penelitian dan saran untuk penelitian selanjutnya.

2. Metode

Prosedur yang dilakukan pada penelitian ini yaitu membuat beberapa asumsi yang berkaitan pada model MSITR, setelah itu membuat model MSITR penyebaran campak pada manusia dengan faktor pengobatan. Dari model yang dibuat dicari titik kesetimbangannya, kemudian dianalisis kestabilan titik kesetimbangannya. Kemudian mencari R_0 dengan menggunakan matriks generasi selanjutnya serta dilakukan analisis R_0 terhadap parameter-parameter yang mempengaruhi.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Model Matematika

Asumsi pembentukan model matematika dari penyebaran penyakit rabies pada manusia dapat disusun sebagai berikut:

1. Penyakit diasumsikan fatal atau dapat menimbulkan kematian.
2. Virus yang menyebabkan penyakit campak adalah RNA virus genus morbillivirus, family paramyxoviridae.
3. Setiap individu yang lahir dianggap tidak memiliki kekebalan.
4. Manusia rentan akan terinfeksi oleh virus campak
5. Adanya populasi yang telah imunisasi dan kebal terhadap virus.
6. Manusia yang terinfeksi oleh virus campak dapat disembuhkan dengan treatment/diobati.
7. Manusia yang telah melakukan treatment dinyatakan sembuh dan kebal terhadap penyakit.

Berdasarkan asumsi untuk model MSITR penyebaran penyakit campak pada manusia diperoleh model sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \alpha - \beta SI - (\mu + \kappa)S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dT}{dt} &= \gamma I - (\delta + \mu)T \\ \frac{dR}{dt} &= \delta T + \sigma M - \mu R \\ \frac{dM}{dt} &= \kappa S - (\sigma + \mu)M\end{aligned}\tag{1}$$

Keterangan:

$M(t)$: Jumlah individu yang telah diimunisasi dan kebal terhadap penyakit pada waktu ke- t .

$S(t)$: Jumlah individu yang rentan pada waktu ke- t .

$I(t)$: Jumlah individu yang terinfeksi pada waktu ke- t

- $T(t)$: Jumlah individu yang terinfeksi kemudian ditreatment pada waktu ke- t
- $R(t)$: Jumlah individu yang sembuh setelah ditreatment atau diobati pada waktu ke- t
- α : Angka kelahiran pada manusia
- μ : Laju kematian pada manusia
- β : Laju penularan penyakit
- γ : Laju transfer dari individu yang terinfeksi ke individu yang ditreatment
- δ : Laju transfer dari individu telah ditreatment ke individu yang sembuh
- σ : Laju transfer dari individu yang diimunisasi ke individu yang sembuh
- κ : Laju transfer dari individu yang rentan penyakit ke individu yang menerima imunisasi

3.2. Analisis

Model MSITR penyebaran penyakit campak pada manusia berupa sistem persamaan diferensial nonlinear. Sistem (1) memiliki dua titik kesetimbangan yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik [7].

Titik kesetimbangan bebas penyakit dapat diperoleh dengan menyatakan ruas kiri dari Sistem(1) bernilai nol, kemudian disubstitusikan sehingga akan diperoleh titik $E_0 = (M, S, I, T, R)$, telah diketahui pada titik kesetimbangan bebas penyakit bahwa $I = 0$, maka selanjutnya akan dicari nilai dari M, S, T, R

$$\alpha - \beta S(0) - (\mu + \kappa)S = 0 \quad (2)$$

$$\kappa \left(\frac{\alpha}{\mu + \kappa} \right) - (\sigma + \mu)M = 0 \quad (3)$$

$$\gamma I - (\delta - \mu)T = 0 \quad (4)$$

$$\delta T + \sigma \left(\frac{\alpha \kappa}{(\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma)} \right) - \mu R = 0 \quad (5)$$

Dengan menyelesaikan (2), (3), (4), dan (5), sehingga didapatkan:

$$M = \frac{\alpha \kappa}{(\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma)} \quad (6)$$

$$S = \frac{\alpha}{(\mu + \kappa)} \quad (7)$$

$$T = 0 \quad (8)$$

$$R = \frac{\sigma \alpha \kappa}{\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma} \quad (9)$$

Sehingga diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit

$$E_0 = (S, I, T, R, M) = \left(\frac{\alpha}{(\mu + \kappa)}, 0, 0, \frac{\sigma \alpha \kappa}{(\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma)}, \frac{\alpha \kappa}{(\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma)} \right)$$

Titik kesetimbangan endemik adalah titik kesetimbangan saat kelas terinfeksi tidak nol atau saat penyakit menyebar dalam populasi. Endemik penyakit

artinya di dalam populasi selalu terdapat individu yang terserang penyakit, sehingga $I > 0$. Untuk mencari titik kesetimbangan endemik dapat diperoleh dengan menyatakan ruas kiri dari Sistem (4.1) bernilai nol, sehingga akan diperoleh titik $E_1 = (M, S, I, T, R)$. Sehingga didapatkan:

$$E_1 = (M, S, I, T, R) = \left(\frac{\kappa(\gamma + \mu)}{\beta(\sigma + \mu)}, \frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{-\alpha\beta + \gamma\kappa + \gamma\mu + \kappa\mu + \mu^2}{\beta(\gamma + \mu)}, \frac{\gamma(-\alpha\beta + \gamma\kappa + \gamma\mu + \kappa\mu + \mu^2)}{\beta(\delta\gamma + \delta\mu + \mu\gamma + \mu^2)}, \frac{-\alpha\beta\delta\gamma\mu - \alpha\beta\delta\gamma\sigma + \delta\gamma^2\kappa\mu + \delta\gamma^2\mu^2 + \delta\gamma^2\mu\sigma + \delta\gamma\kappa\mu^2 - \delta\gamma\kappa\mu\sigma + \delta\gamma\mu^3 - \delta\kappa\mu^2\sigma - \gamma^2\kappa\mu\sigma - 2\gamma\kappa\mu^2\sigma - \kappa\mu^3\sigma}{(\beta(\delta\gamma + \delta\mu + \mu\gamma + \mu^2)(\sigma + \mu)\mu)} \right)$$

Penentuan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari Sistem Persamaan (4.1) menggunakan metode matriks next generasi selanjutnya[8]. Matriks selanjutnya dapat diperoleh dari kelas I , sehingga kelas I dapat dituliskan sebagai

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - (\gamma + \mu)I$$

Maka matriks F dan V sebagai berikut:

$$F = [\beta SI] \text{ Dan } V = [\gamma + \mu]I$$

Diturunkan terhadap I

$$F = \partial F = [\beta S]$$

$$V = \partial V = [\gamma + \mu]$$

Substitusi nilai titik bebas penyakit pada F diperoleh:

$$F = \left[\beta \left(\frac{\alpha}{\mu + \kappa} \right) \right] = \left[\frac{\beta \alpha}{\mu + \kappa} \right]$$

Dicari V^{-1} dan diperoleh;

$$V^{-1} = \frac{1}{\gamma + \mu}$$

Maka,

$$K = FV^{-1} = \left[\frac{\beta \alpha}{\mu + \kappa} \right] \left[\left(\frac{1}{\gamma + \mu} \right) \right] = \left[\frac{\beta \alpha}{(\mu + \kappa)(\gamma + \mu)} \right]$$

nilai eigen matriks FV^{-1} diperoleh dari persamaan berikut

$$\det|\lambda I - k| = 0 \left[\lambda - \frac{\beta \alpha}{(\mu + \kappa)(\gamma + \mu)} \right] = 0 \lambda = \frac{\beta \alpha}{(\mu + \kappa)(\gamma + \mu)}$$

karena bilangan reproduksi dasar diperoleh dari radius spectral atau dari nilai eigen terbesar, maka diperoleh

$$R_0 = \frac{\beta \alpha}{(\mu + \kappa)(\gamma + \mu)}$$

Matriks Jacobian dari Sistem(1) adalah:

$$J(E) = \begin{bmatrix} -I\beta - \mu - \kappa & -\beta S & 0 & 0 & 0 \\ I\beta & \beta S - \gamma - \mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & -\delta - \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu & \sigma \\ \kappa & 0 & 0 & 0 & -\mu - \sigma \end{bmatrix}$$

Selanjutnya akan dicari nilai eigen dengan mensubstitusi titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (S, I, T, R, M) = \left(\frac{\alpha}{(\mu+\kappa)}, 0, 0, \frac{\sigma\alpha\kappa}{(\kappa\mu+\kappa\sigma+\mu^2+\mu\sigma)\mu}, \frac{\alpha\kappa}{(\kappa\mu+\kappa\sigma+\mu^2+\mu\sigma)} \right)$ ke matriks jacobian $J(E)$ sehingga diperoleh

$$J(E) = \begin{bmatrix} -\kappa - \mu & -\frac{\beta\alpha}{\kappa - \mu} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta\alpha}{\kappa - \mu} - \gamma - \mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \gamma & -\delta - \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu & \sigma \\ \kappa & 0 & 0 & 0 & -\mu - \sigma \end{bmatrix}$$

Dengan bantuan Software Maple 13 dengan *script* selengkapnya dapat dilihat pada Lampiran 1, diperoleh nilai eigen sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\kappa - \mu \\ \lambda_2 &= -\frac{-\alpha\beta + \gamma\kappa + \gamma\mu + \kappa\mu + \mu^2}{\kappa + \mu} \\ \lambda_3 &= -\delta - \mu \\ \lambda_4 &= -\mu \\ \lambda_5 &= -\mu - \sigma \end{aligned}$$

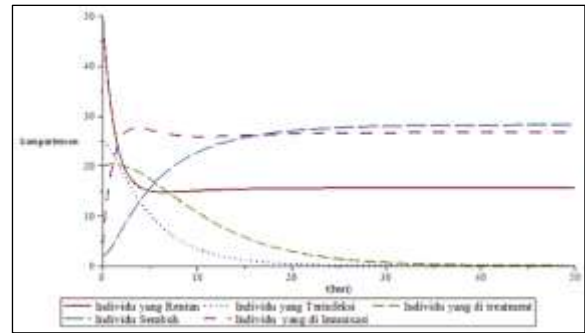
3.3. Simulasi Numerik dan Interpretasi

Kemudian dilakukan simulasi numerik menggunakan Software Maple 13 dengan nilai Parameter terdapat pada Tabel 1.

Tabel 1.Daftarnilai parameter

No	Parameter	Nilai	Satuan
1	α	10	$\frac{Individu}{Hari}$
2	μ	0.142	$\frac{1}{Hari}$
3	β	0.005	$\frac{1}{individu \times hari}$
4	γ	0.15	$\frac{1}{Hari}$
5	δ	0.02	$\frac{1}{Hari}$
6	σ	0.15	$\frac{1}{Hari}$
7	κ	0.5	$\frac{1}{Hari}$

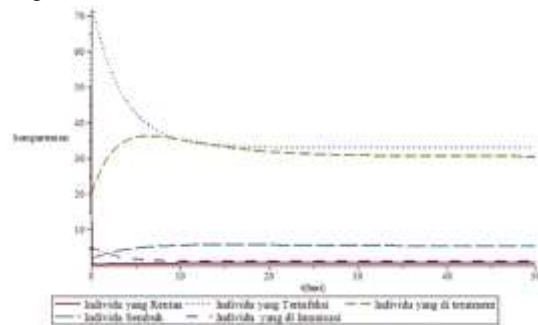
Berdasarkan nilai-nilai parameter pada Tabel 1 diperoleh bilangan reproduksi dasar dari Sistem (1) adalah $R_0 = 0.2667178765$. Hasil simulasinya adalah sebagai berikut:



Gambar 1. Grafik Menuju Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit Saat ($R_0 > 1$)

Pada **Gambar 1** menunjukkan bahwa individu pada kompartemen terinfeksi dan individu pada kompartemen terobati mengalami penurunan secara drastis menuju titik 0 dan stabil di titik tersebut. Untuk kondisi $R_0 < 1$ titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil asimtotik, ini berarti untuk jangka waktu yang lama populasi yang terinfeksi akan semakin mengecil atau sistem akan lebih cepat terbebas dari penyakit.

Selanjutnya akan dilakukan simulasi numerik titik kesetimbangan endemik untuk $R_0 > 1$. Jika nilai parameter β diperbesar menjadi 0.5, sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar dari Sistem (1) adalah $R_0 = 26.67178765$. Hasil simulasinya adalah sebagai berikut:

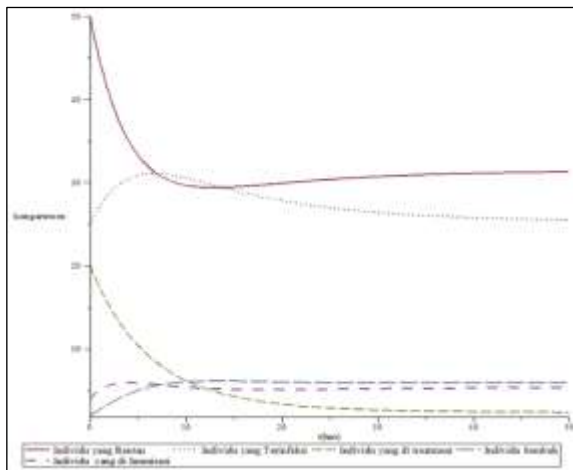


Gambar 2. Grafik Menuju Titik Kesetimbangan Endemik Saat ($R_0 > 1$)

Pada **Gambar 2** menunjukkan bahwa individu pada kompartemen terinfeksi mengalami kenaikan secara drastis menuju titik 32.96257534 dan stabil di titik tersebut. Untuk kondisi $R_0 > 1$ titik kesetimbangan endemik bersifat titik sadel, ini menunjukkan bahwa sistem belum terbebas dari penyakit dan masih terdapat penyakit yang mendominasi populasi tersebut.

Selanjutnya akan dilakukan simulasi numerik titik kesetimbangan endemik untuk $R_0 = 1$. Jika nilai parameter κ diperkecil menjadi 0.05, nilai parameter

$\phi = 0.015$ dan nilai parameter $\beta = 0.005$ sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar dari sistem (4.1) adalah $R_0 = 1.658704883$. Hasil simulasinya adalah sebagai berikut:



Gambar 3. Grafik Menuju Titik Keseimbangan Endemik Saat ($R_0 = 1$)

Pada **Gambar 3** menunjukkan bahwa Populasi terinfeksi mengalami kenaikan dari awal hingga mencapai kondisi stabil sekitar titik $I = 25.29426752$. Untuk kondisi $R_0 = 1$ titik kesetimbangan endemik bersifat titik sadel, ini menunjukkan bahwa sistem belum terbebas dari penyakit dan masih terdapat penyakit yang mendominasi populasi tersebut.

4. Kesimpulan dan Saran

4.1 Kesimpulan

Berdasarkan uraian pembahasan di atas, maka dapat ditarik kesimpulan sebagai berikut:

1. Diperoleh model MSITR penyebaran penyakit campak pada manusia

$$\frac{dS}{dt} = \alpha - \beta SI - (\mu - \kappa)S$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - (\gamma - \mu)I$$

$$\frac{dT}{dt} = \gamma I - (\delta - \mu)T$$

$$\frac{dR}{dt} = \delta T + \sigma M - \mu R$$

$$\frac{dM}{dt} = \kappa S - \mu M$$
2. Terdapat dua titik kesetimbangan yang diperoleh dari model MSITR penyebaran penyakit campak pada manusia yaitu:
 - a. Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

$$E_0 = (S, I, T, R, M)$$

$$= \left(\frac{\alpha}{(\mu + \kappa)}, 0, 0, \frac{\sigma \alpha \kappa}{(\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma) \mu}, \frac{\alpha \kappa}{(\kappa \mu + \kappa \sigma + \mu^2 + \mu \sigma)} \right)$$
 - b. Titik Keseimbangan Endemik

$$E_1 = M, S, I, T, R$$

$$M = \frac{\kappa(\gamma + \mu)}{\beta(\sigma + \mu)}$$

$$S = \frac{\gamma + \mu}{\beta}$$

$$I = -\frac{-\alpha\beta + \gamma\kappa + \gamma\mu + \kappa\mu + \mu^2}{\beta(\gamma + \mu)}$$

$$T = -\frac{\gamma(-\alpha\beta + \gamma\kappa + \gamma\mu + \kappa\mu + \mu^2)}{\beta(\delta\gamma + \delta\mu + \mu\gamma + \mu^2)}$$

$$R = -\frac{-\alpha\beta\delta\gamma\mu - \alpha\beta\delta\gamma\sigma + \delta\gamma^2\kappa\mu + \delta\gamma^2\mu^2 + \delta\gamma^2\mu\sigma + \delta\gamma\kappa\mu^2 - \delta\gamma\kappa\mu\sigma + \delta\gamma\mu^3 - \delta\kappa\mu^2\sigma - \gamma^2\kappa\mu\sigma - 2\gamma\kappa\mu^2\sigma - \kappa\mu^3\sigma}{(\beta(\delta\gamma + \delta\mu + \mu\gamma + \mu^2)(\sigma + \mu)\mu)}$$

Titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil asimtotik saat $R_0 < 1$, dengan $R_0 = \frac{\beta_{ad}A(\delta_d + \gamma_d)}{\mu_d^2(\delta_d + \gamma_d + \kappa_d + \mu_d)}$, menunjukkan bahwa penyakit akan menghilang dalam jangka waktu tertentu. Apabila $R_0 > 1$ maka titik kesetimbangan endemik akan stabil asimtotik.

4.2 Saran

Pada penelitian ini telah dibuat model MSITR penyebaran penyakit campak pada manusia dengan faktor pengobatan. Model ini masih dapat dikembangkan lagi mengingat masih terdapat penyebab lain yang dapat dipertimbangkan. Model ini juga kiranya dapat digunakan untuk penyakit lainnya yang memenuhi asumsi model MSITR.

Ucapan Terima Kasih. Penelitian ini dapat dilaksanakan dengan lancar berkat bantuan dan dukungan dari berbagai pihak., untuk itu peneliti mengucapkan terima kasih kepada Civitas Akademika Universitas Halu Oleo, dosen pembimbing, tim penguji dan pihak-pihak yang telah memfasilitasi dan membantu berjalannya penelitian ini.

Daftar Pustaka

- [1] M. Ulfa & Sugiyanto. (2013). Model Matematika untuk Kontrol Campak Menggunakan Vaksinasi. *Fourier*, 2(2), 97–110.
- [2] R. Meilani & R. E Budiati. (2013). *Faktor-Faktor yang Memengaruhi Kejadian Campak Di Puskesmas Purwosari Kabupaten Kudus*. *Keperawatan dan Kesehatan Masyarakat*, 2(9), 93–112..
- [3] A. F. D Hubu., N. Achmad & N. Nurwan. (2020). Model Matematika SMEIUR pada Penyebaran Penyakit Campak dengan Faktor Pengobatan. *Jambura Journal of Biomathematics*, 1(2), 71–80.
- [4] S. Edward. (2015). A Mathematical Model for Control and Elimination of the Transmission

Dynamics of Measles. *Applied and Computational Mathematics*, 4(6), 396–407.

- [5] S. A. Saputro. (2017). *Penyebaran Penyakit Campak Di Indonesia Dengan Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR)*. [Skripsi]. FMIPA: Universitas Sebelas Maret Surakarta.
- [6] Soleh, Mohammad, M.Yulsen, , Wartono, & Rahmawati. (2019). Model Seir Penyakit Campak dengan Laju Penularan Nonlinier Incidence Rate. *Jambura Journal of Biomathematics*, 5(1), 419–424.
- [7] G. J. Olsder & J. W. Van Der. Woude. (1994). *Mathematical System Theory*. The Netherlands: Delft University Press.
- [8] P. D. Driessche & J. Watmough. (2002). Further Notes on The Basic Reproduction Number. *ELSEVIER*, 1-21.