



UNIVERSITAS PERTAHANAN RI

**PEMODELAN MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT *VARICELLA*
MENGUNAKAN PEMODELAN SVEIR**

SADIYANA YAQUTNA NAQIYA 320210302022

**Skripsi yang Ditulis untuk Memenuhi Sebagian Persyaratan dalam
Mendapatkan Gelar Sarjana**

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM MILITER
PROGRAM STUDI SARJANA MATEMATIKA
BOGOR 2025**

LEMBAR PERSETUJUAN SKRIPSI

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya
NIM : 320210302022
Program Studi : Matematika
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer
Judul Skripsi : Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit
Varicella Menggunakan Pemodelan SVEITR

Pembimbing I,



Vina Lusiana, S. Pd., M. Si.
PPPK
NIP. 198301302024212005
Tanggal 1 Juli 2025

Pembimbing II,



Achmad Abdurrazzaq, Ph.D.
Penda Tk. I III/b
NIP. 199304032022031003
Tanggal..... 1 Juli 2025

Mengetahui,

Kepala
Program Studi Matematika



Djoko Heksa Purnomo, S.Si., M.Si.
Kolonel Laut (KH) NRP. 14628/P
Tanggal:..... 3 Juli 2025

Dekan Fakultas MIPA
Militer



Dr. Ir. Ence Darmo Jaya Supena, M.Si
Pembina Utama Muda IV/c
Tanggal:..... 13/8-2025

LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya
NIM : 320210302022
Program Studi : Matematika
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer
Judul Skripsi : Pemodelan Matematika Penyebaran penyakit
Varicella Menggunakan Pemodelan SVEITR

No	Nama	Tanda Tangan	Tanggal
1	Dosen Pembimbing I: Vina Lusiana, S. Pd., M.Si. PPPK NIP. 198301302024212005		1/7/2025
2	Dosen Pembimbing II: Achmad Abdurrazzaq, Ph.D. Penda Tk. I III/b NIP.199304032022031003		1/7/2025
3	Dosen Penguji I: Muhammad Syazali, S.Si., M.Si. Penata III/c NIP.198611212022031001		1/7/2025
4	Dosen Penguji II: Dr. Ro'fah Nur Rachmawati, S. Si., M. Si Penda Tk. I III/b NIP. 198612152022032002		1/7/2025

PERNYATAAN ORISINALITAS

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya atau sebagian karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan jenjang apapun di suatu Perguruan Tinggi; dan sepanjang sepengetahuan saya juga tidak terdapat istilah, frasa, kalimat, paragraf, subbab, atau bab dari karya yang pernah ditulis atau diterbitkan; kecuali yang secara tertulis diajukan dalam naskah ini dan disebutkan dalam Daftar Referensi.

Apabila di kemudian hari terbukti bahwa terdapat plagiat dalam skripsi ini, saya bersedia menerima sanksi sesuai ketentuan perturan/undang-undang yang berlaku.

Bogor, 14 Juli 2025



Sadiyana Yaqutna Naqiya

**LEMBAR PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH
UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS**

Sebagai sivitas akademik Universitas Pertahanan Republik Indonesia,
saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya

NIM : 320210302022

Program Studi : Sarjana Matematika

Fakultas : FMIPA Militer

Jenis Karya : Skripsi

demikian pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Pertahanan Republik Indonesia **Hak Bebas Royalti Noneksklusif (Non-exclusive Royalty-Free Right)** atas karya ilmiah saya yang berjudul:

Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit *Varicella* Menggunakan Pemodelan Sveitr

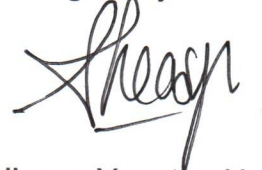
beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). Dengan Hak Bebas Royalti Noneksklusif ini Universitas Pertahanan Republik Indonesia berhak menyimpan, mengalihmedia/formatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (database), merawat, dan memublikasikan tugas akhir saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya

Dibuat di : Bogor

Tanggal : 14 Juli 2025

Yang menyatakan



Sadiyana Yaqutna Naqiya

NIM. 320210302022



UNIVERSITAS PERTAHANAN RI

**PEMODELAN MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT *VARICELLA*
MENGUNAKAN PEMODELAN SVEIR**

SADIYANA YAQUTNA NAQIYA 320210302022

**Skripsi yang Ditulis untuk Memenuhi Sebagian Persyaratan dalam
Mendapatkan Gelar Sarjana**

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM MILITER
PROGRAM STUDI SARJANA MATEMATIKA
BOGOR, 2025**

LEMBAR PERSETUJUAN SKRIPSI

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya
NIM : 320210302022
Program Studi : Matematika
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer
Judul Skripsi : Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit
Varicella Menggunakan Pemodelan SVEITR

Pembimbing I,

Pembimbing II,

Vina Lusiana, S. Pd., M. Si.
PPPK
NIP. 198301302024212005
Tanggal

Achmad Abdurrazzaq, Ph.D.
Penda Tk. I III/b
NIP. 199304032022031003
Tanggal.....

Mengetahui,

Kepala
Program Studi Matematika

Dekan Fakultas MIPA
Militer

Djoko Heksa Purnomo, S.Si., M.Si.
Kolonel Laut (KH) NRP. 14628/P
Tanggal:.....

Dr. Ir. Ence Darmo Jaya Supena, M.Si
Pembina Utama Muda IV/c
Tanggal:.....

LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya
NIM : 320210302022
Program Studi : Matematika
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer
Judul Skripsi : Pemodelan Matematika Penyebaran penyakit
Varicella Menggunakan Pemodelan SVEITR

No	Nama	Tanda Tangan	Tanggal
1	Dosen Pembimbing I: Vina Lusiana, S. Pd., M.Si. PPPK NIP. 198301302024212005		
2	Dosen Pembimbing II: Achmad Abdurrazzaq, Ph.D. Penda Tk. I III/b NIP.199304032022031003		
3	Dosen Penguji I: Muhammad Syazali, S.Si., M.Si. Penata III/c NIP.198611212022031001		
4	Dosen Penguji II: Dr. Ro'fah Nur Rachmawati, S. Si., M. Si Penda Tk. I III/b NIP. 198612152022032002		

PERNYATAAN ORISINALITAS

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya atau sebagian karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan jenjang apapun di suatu Perguruan Tinggi; dan sepanjang sepengetahuan saya juga tidak terdapat istilah, frasa, kalimat, paragraf, subbab, atau bab dari karya yang pernah ditulis atau diterbitkan; kecuali yang secara tertulis diajukan dalam naskah ini dan disebutkan dalam Daftar Referensi.

Apabila di kemudian hari terbukti bahwa terdapat plagiat dalam skripsi ini, saya bersedia menerima sanksi sesuai ketentuan perturan/undang-undang yang berlaku.

Bogor, 14 Juli 2025

Sadiyana Yaqutna Naqiya

**LEMBAR PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH
UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS**

Sebagai sivitas akademik Universitas Pertahanan Republik Indonesia,
saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Sadiyahana Yaquthna Naqiya

NIM : 320210302022

Program Studi : Sarjana Matematika

Fakultas : FMIPA Militer

Jenis Karya : Skripsi

demikian pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Pertahanan Republik Indonesia **Hak Bebas Royalti Noneksklusif (Non-exclusive Royalty-Free Right)** atas karya ilmiah saya yang berjudul:

Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit *Varicella* Menggunakan Pemodelan SVEIR

beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). Dengan Hak Bebas Royalti Noneksklusif ini Universitas Pertahanan Republik Indonesia berhak menyimpan, mengalihmedia/formatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (database), merawat, dan memublikasikan tugas akhir saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya

Dibuat di : Bogor

Tanggal : 14 Juli 2025

Yang menyatakan

Sadiyahana Yaquthna Naqiya

NIM. 320210302022

KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis panjatkan ke hadirat Allah SWT, karena atas limpahan rahmat dan karunia-Nya, penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul: “Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit *Varicella* Menggunakan Pemodelan SVEITR” sebagai salah satu syarat dalam penyusunan skripsi pada Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer, Universitas Pertahanan Republik Indonesia.

Penyusunan skripsi ini tidak terlepas dari bantuan, dukungan, serta bimbingan dari berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis menyampaikan rasa terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Kolonel Laut (KH) Djoko Heksa Purnomo, S.Si., M.Si., selaku Kepala Program Studi Matematika Militer, yang telah memberikan izin, dukungan, serta fasilitas dalam pelaksanaan penyusunan skripsi ini.
2. Ibu Vina Lusiana, S. Pd., M.Si., selaku Dosen Pembimbing I, yang dengan tulus telah meluangkan banyak waktunya untuk memberikan mengarahkan membimbing, serta memotivasi penulis selama menyusun skripsi ini.
3. Bapak Achmad Abdurrazzaq, Ph.D., selaku Dosen Pembimbing II, yang telah memberikan masukan, saran, dan bimbingan dalam menyempurnakan skripsi ini.
4. Seluruh dosen dan staff di lingkungan prodi matematika yang telah memberikan ilmu serta bimbingannya.
5. Kedua orang tua tercinta, atas doa, semangat, cinta dan segala dukungan dalam setiap langkah penulis.
6. Teman kamar saya Dinda Rahma Dewi, yang selalu mendengarkan keluh kesah saya, memberikan waktu yang berbeda agar tidak berpapasan saat mengerjakan revisi, dan memberikan dukungan mental selama mengerjakan tugas akhir ini.

7. Rekan seperjuangan saya Agnes Glory dan Diva Hardiestya, yang selalu bersama saat suka maupun duka dalam usaha belajar, memahami tentang metode dalam penyusunan skripsi hingga akhir.
8. Rekan-rekan Prodi Matematika , atas kebersamaan, semangat, dan dorongan selama proses belajar hingga penyusunan skripsi ini.
9. Serta semua pihak yang telah memberikan bantuan, baik secara langsung maupun tidak langsung, yang tidak dapat disebutkan satu per satu.

Penulis menyadari bahwa dalam proses penyusunan skripsi ini masih terdapat berbagai kekurangan dan. Oleh karena itu, penulis sangat mengharapkan masukan, kritik, dan saran yang membangun demi penyempurnaan di masa yang akan datang. Semoga karya ini dapat memberikan manfaat yang seluas-luasnya, terutama dalam bidang ketahanan ekonomi nasional.

Bogor, 14 Mei 2025

Sadiyana Yaqutna Naqiya

ABSTRAK

Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit *Varicella* Menggunakan Pemodelan Sveitr

Penyakit cacar air (*Varicella*) merupakan penyakit menular yang memiliki tingkat penyebaran tinggi dan berpotensi menjadi endemik apabila tidak ditangani dengan intervensi yang tepat. Penelitian ini bertujuan untuk membangun dan menganalisis model matematika penyebaran penyakit varicella menggunakan pendekatan model SVEITR (*Susceptible–Vaccinated–Exposed–Infected–Treated–Recovered*), yang merupakan pengembangan dari model SVEIR dan SEITR dengan menambahkan kompartemen pengobatan (*Treated*) untuk menggambarkan individu yang sedang menjalani perawatan. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah pendekatan kuantitatif eksperimental melalui pemodelan sistem persamaan diferensial, analisis kestabilan titik kesetimbangan, serta perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 menggunakan pendekatan *Next Generation Matrix*. Berdasarkan hasil analisis, diperoleh nilai R_0 sebesar 2.89 yang menunjukkan bahwa penyakit varicella memiliki potensi penyebaran yang tinggi dan bersifat endemik. Simulasi numerik menunjukkan bahwa meskipun penyebaran penyakit dapat ditekan melalui intervensi seperti vaksinasi dan pengobatan, populasi rentan tetap meningkat seiring waktu akibat hilangnya kekebalan, sehingga diperlukan strategi pengendalian jangka panjang dan pemantauan berkelanjutan. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi dalam pengendalian penyakit varicella serta menjadi bagian dari sistem pertahanan negara di bidang kesehatan, yang bertujuan menjaga ketahanan nasional melalui perlindungan terhadap stabilitas dan produktivitas sumber daya manusia.

Kata kunci: Model SVEITR, *varicella*, pengembangan model, bilangan reproduksi dasar, simulasi numerik.

ABSTRACT

SVEITR Mathematical Model for Varicella Transmission

Varicella is a contagious disease with a high transmission rate and the potential to become endemic if not addressed through proper interventions. This study aims to construct and analyze a mathematical model of varicella transmission using the SVEITR model (Susceptible–Vaccinated–Exposed–Infected–Treated–Recovered), which is a development of the SVEIR and SEITR models by adding a treatment compartment (Treated) to represent individuals undergoing medical care. The method used in this research is a quantitative-experimental approach through differential equation modeling, stability analysis of equilibrium points, and calculation of the basic reproduction number R_0 using the Next Generation Matrix approach. The analysis results show that the basic reproduction number R_0 is 2.89, indicating that varicella has a high transmission potential and is endemic in nature. Numerical simulations demonstrate that although disease transmission can be suppressed through interventions such as vaccination and treatment, the susceptible population continues to increase over time due to waning immunity, highlighting the need for long-term control strategies and continuous monitoring. This study is expected to contribute to the control of varicella and serve as a part of the national defense system in the health sector, aimed at maintaining national resilience by protecting the stability and productivity of human resources.

Keywords: SVEITR model, varicella, model development, basic reproduction number, numerical simulation

DAFTAR ISI

LEMBAR PERSETUJUAN SKRIPSI.....	ii
LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI	iii
PERNYATAAN ORISINALITAS	iv
LEMBAR PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS.....	v
ABSTRAK	viii
ABSTRACT	ix
DAFTAR ISI	x
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR TABEL	xiii
DAFTAR SINGKATAN	xiv
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian	4
1.4 Manfaat Penelitian	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	6
2.1 Landasan Teori	6
2.1.1 Penyakit Cacar Air	6
2.1.2 Pemodelan Epidemiologi	7
2.1.3 Persamaan Diferensial	7
2.1.4 Masalah Kestabilan	9
2.1.5 Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)	10
2.1.6 Model Penyakit Cacar	11
2.2 Hasil Penelitian terdahulu	14

2.3	Kerangka Berpikir	16
BAB III METODOLOGI PENELITIAN.....		18
3.1	Metode dan Desain Penelitian	18
3.3	Alat dan Bahan	19
3.4	Variabel Penelitian.....	20
3.5	Prosedur Penelitian.....	22
2.6	Metode Analisis.....	25
BAB IV HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN		28
4.1	Asumsi Model	28
4.2	Konstruksi Model	29
4.3	Titik Keseimbangan.....	34
4.4	Analisis Kestabilan	37
4.5	Bilangan Reproduksi Dasar	39
4.6	Analisis Sensitivitas	41
4.7	Simulasi Numerik	45
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN		52
5.1	Kesimpulan.....	52
5.2	Saran.....	53
DAFTAR PUSTAKA		54

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2. 1 Model SEIR.....	12
Gambar 2. 2 Kerangka Berpikir Penelitian.....	16
Gambar 3. 1 Diagram Alur Prosedur Penelitian	22
Gambar 3. 2 Diagram Model SEITR	23
Gambar 3. 3 Diagram Model SVEIR	24
Gambar 4. 1 Diagram Model Penyebaran Varicella	29
Gambar 4. 2 Grafik R_0 terhadap Parameter α	42
Gambar 4. 3 Grafik R_0 terhadap Parameter β	43
Gambar 4. 4 Grafik R_0 terhadap Parameter δ	43
Gambar 4. 5 Grafik R_0 terhadap Parameter ψ	44
Gambar 4. 6 Dinamika Populasi Penyebaran Penyakit Varicella terhadap Waktu.....	45
Gambar 4. 7 Simulasi Kompartemen Susceptible terhadap Parameter (a). α (b). β (c). δ (d). η	47
Gambar 4. 8 Simulasi Kompartemen Vaccined terhadap Parameter (a). α (b). β (c). δ	48
Gambar 4. 9 Simulasi Kompartemen Exposed terhadap Parameter (a). β (b). δ (c). γ	49
Gambar 4. 10 Simulasi Kompartemen Infected terhadap Parameter (a). γ (b). ψ (c). ε_2	50
Gambar 4. 11 Simulasi Kompartemen Treated terhadap Parameter (a). ψ (b). ε_1	51

DAFTAR TABEL

Tabel 2. 1 Hasil Penelitian Terdahulu	14
Tabel 3. 1 Jadwal Penelitian	19
Tabel 3. 2 Variabel Penelitian	20
Tabel 4. 1 Nilai Parameter.....	38



DAFTAR SINGKATAN

S	: <i>Susceptible</i>
V	: <i>Vaccined</i>
E	: <i>Exposed</i>
I	: <i>Infected</i>
T	: <i>Treated</i>
R	: <i>Recovered</i>
J	: <i>Jacobian</i>
NGM	: <i>Next Generation Matrix</i>



BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penyakit menular, seperti cacar air, memiliki potensi dampak yang signifikan terhadap stabilitas sosial, ekonomi, dan pertahanan nasional. Dalam konteks pertahanan, penyebaran penyakit ini dapat mengganggu kesiapan operasional dan melemahkan daya tahan fisik serta mental personel pertahanan, terutama di lingkungan dengan interaksi intensif seperti asrama militer, pos penjagaan, dan wilayah perbatasan. Kondisi ini dapat mempengaruhi efektivitas operasional dan kesiapan negara dalam menghadapi ancaman eksternal. Oleh karena itu, dibutuhkan pendekatan ilmiah untuk memahami dinamika penyebaran penyakit menular tersebut, salah satunya melalui pengembangan model epidemiologi matematis. Pendekatan ini memungkinkan pengambilan keputusan berbasis data yang lebih optimal dalam strategi mitigasi risiko kesehatan di sektor pertahanan, sehingga mendukung kesiapsiagaan dan ketahanan nasional (El-Mesady & Ali, 2024)

Cacar air, yang disebabkan oleh virus *Varicella-Zoster*, merupakan penyakit menular yang umum menyerang anak-anak namun juga dapat menyerang orang dewasa (Joegijantoro, 2019). Penyakit ini memiliki masa inkubasi yang bervariasi antara 10 hingga 21 hari, yang memungkinkan individu terinfeksi menularkan virus sebelum gejala pertama muncul (San Martin et al., 2023). Cacar air menular melalui kontak langsung dengan lesi kulit yang terinfeksi atau melalui droplet udara dari batuk atau bersin individu yang terinfeksi (Sinaga, 2019). Kecepatan penularannya yang tinggi di lingkungan tertutup seperti sekolah, asrama, rumah sakit, dan fasilitas militer menjadikannya sulit dikendalikan. Gejala cacar air meliputi ruam kulit yang berkembang menjadi vesikel berisi cairan, demam, sakit kepala, nyeri otot, dan malaise (Gershon & Silverstein, 2022). Meskipun Indonesia dinyatakan bebas dari cacar air oleh WHO sejak 1974 (Dirjen

PP&PL, 2007), penyakit ini masih menjadi endemik di wilayah tertentu di Indonesia. Oleh karena itu, pemahaman yang lebih baik mengenai penyebaran cacar air dan pengendaliannya sangat penting.

Model epidemiologi seperti SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) telah banyak digunakan untuk menganalisis dinamika penyebaran penyakit menular. Model ini membagi populasi ke dalam empat kompartemen utama dan memungkinkan analisis yang mencakup masa inkubasi penyakit (Rohmah & Saputra, 2019 ; Aulia et al., 2023). Model SEIR memiliki keterbatasan dalam menggambarkan pengaruh vaksinasi terhadap dinamika wabah, sehingga untuk mengatasi keterbatasan ini, dikembangkan model SVEIR (*Susceptible-Vaccinated-Exposed-Infected-Recovered*) dengan menambahkan kompartemen V (*Vaccinated*) untuk memperhitungkan individu yang telah divaksinasi (Hernández-Vargas et al., 2020). Penelitian terdahulu menunjukkan bahwa model SVEIR efektif dalam menggambarkan dinamika penyebaran penyakit pada populasi dengan cakupan vaksinasi tinggi, serta mempertimbangkan faktor hilangnya kekebalan seiring waktu (Zhu et al., 2023).

Model SEITR (*Susceptible-Exposed-Infected-Treated-Recovered*) yang menambahkan kompartemen perawatan medis juga telah digunakan untuk menggambarkan penyebaran penyakit seperti cacar air dengan lebih baik, terutama dalam konteks intervensi medis (Musarifa et al., 2021; Jose et al., 2023). Penelitian yang dilakukan oleh Musarifa (2021) mengembangkan model epidemiologi SEITR untuk menggambarkan penyebaran penyakit menular, khususnya cacar air, dengan memasukkan aspek perawatan medis dalam analisis untuk mencerminkan dinamika individu yang menerima intervensi medis, seperti perawatan di rumah sakit, pengobatan gejala, atau isolasi yang difasilitasi oleh layanan kesehatan. Penelitian yang dilakukan oleh Musarifa adalah meneliti perbedaan tingkat perawatan medis memengaruhi dinamika penyebaran penyakit. Fokus utama dari penelitian ini adalah mengevaluasi efektivitas perawatan medis,

menilai dampak intervensi medis terhadap bilangan reproduksi dasar, dan menganalisis skenario kebijakan kesehatan.

Kendala utama dalam penggunaan model SEITR adalah kurangnya data akurat tentang cakupan vaksinasi dan efektivitas vaksin di Indonesia, sedangkan pada model SVEIR tidak adanya treatment untuk individu terpapar untuk mempercepat laju menjadi sembuh (Izzati & Andriani, 2021). Model tersebut belum sepenuhnya mampu menggambarkan dinamika penyakit pada populasi yang menerima vaksinasi maupun yang tidak menerima treatment, sehingga hasil analisis bilangan reproduksi dasar menjadi kurang optimal (Sari, 2023).

Penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan model SEIR, SVEIR, dan SEITR menjadi model SVEITR (*Susceptible-Vaccinated-Exposed-Infected-Treated-Recovered*) yang menggabungkan kompartemen vaksinasi dan treatment pada model SVEIR dan SEITR dengan judul Analisis Model Penyebaran Penyakit varicella menggunakan Model SVEITR dengan Vaksinasi. Model ini diharapkan dapat mengevaluasi dampak vaksin dan proses treatment terhadap bilangan reproduksi dasar (R_0) dan memberikan rekomendasi berbasis data yang lebih akurat untuk pengendalian wabah *varicella*, terutama dalam konteks pertahanan nasional. Dengan pendekatan ini, diharapkan pengambil kebijakan dapat merancang strategi vaksinasi dan treatment yang lebih efektif dan merespons dengan lebih optimal terhadap potensi ancaman epidemiologi, guna menjaga kesiapsiagaan dan ketahanan negara.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan identifikasi masalah maka rumusan masalah yang dibuat adalah :

1. Bagaimana pemodelan matematika epidemiologi pada penyakit menular *varicella*?

2. Bagaimana pengaruh bilangan reproduksi dasar (R_0) dan hasil simulasinya pada pemodelan matematika epidemiologi pada penyakit menular *varicella*?

1.3 Tujuan Penelitian

Adapun tujuan yang sesuai dengan rumusan masalah pada penelitian ini adalah :

1. Membangun model matematika epidemiologi pada penyakit menular *varicella*.
2. Mengetahui pengaruh bilangan reproduksi dasar (R_0) dan hasil simulasinya pada pemodelan matematika epidemiologi pada penyakit menular *varicella*.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan memberikan manfaat teoritis maupun praktis. Manfaat penelitian ini meliputi:

Teoritis:

- a. Menambah pengetahuan dalam pemodelan penyebaran penyakit menular, khususnya dengan penggunaan model SEITR dan analisis R_0 .
- b. Memberikan wawasan mengenai variable-variabel yang memengaruhi R_0 dan lajunya dalam mengukur potensi penyebaran cacar air.
- c. Menjadi referensi untuk pengembangan model epidemiologi yang lebih detail.

Praktis:

- a. Penelitian ini dapat meningkatkan reputasi universitas dalam bidang pemodelan matematika epidemiologi dan penelitian kesehatan.
- b. Penelitian ini dapat menjadi dasar untuk kolaborasi lebih lanjut antara universitas dengan lembaga kesehatan, pemerintah, atau organisasi riset yang tertarik pada epidemiologi dan pengendalian penyakit menular.
- c. Hasil penelitian ini dapat dimanfaatkan sebagai materi pembelajaran dan referensi untuk mata kuliah yang berkaitan dengan pemodelan matematika epidemiologi.

1.5 Batasan Masalah

Berdasarkan penelitian, diberikan batasan masalah pada penelitian ini yaitu:

- a. Penelitian ini menggunakan data sekunder dari jurnal-jurnal kesehatan.
- b. Penelitian ini akan menggunakan model SVEITR tanpa mempertimbangkan faktor-faktor lain seperti imigrasi, emigrasi, dan mutasi virus.
- c. Nilai R_0 yang dihitung dalam penelitian ini diasumsikan konstan dan dihitung berdasarkan parameter seperti tingkat kontak dan durasi infeksi yang diperoleh dari literatur atau data sekunder.
- d. Simulasi intervensi yang dianalisis dalam penelitian ini terbatas pada skenario SVEITR di atas.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Landasan Teori

2.1.1 Penyakit Cacar Air

Cacar air, yang disebabkan oleh virus *varicella-zoster* (VZV), adalah infeksi menular yang umumnya terjadi pada anak-anak, tetapi orang dewasa yang belum terinfeksi atau divaksinasi juga rentan tertular (Zhu et al., 2023). Virus ini termasuk dalam famili *herpesviridae* dan menyebar melalui kontak langsung dengan cairan lesi atau droplet yang mengandung virus dari orang yang terinfeksi (Patil et al., 2022). Setelah terhirup, virus bereplikasi di nasofaring dan menyebar melalui sistem limfatik dan darah, menginfeksi jaringan kulit serta mukosa, yang menghasilkan ruam khas berupa vesikel berisi cairan (Gershon et al., 2015). Setelah infeksi primer sembuh, VZV tidak sepenuhnya hilang dari tubuh; ia menetap di ganglia saraf dan berpotensi aktif kembali sebagai *herpes-zoster*, terutama pada individu dengan kekebalan tubuh yang menurun (Laemmle et al., 2019).

Populasi yang rentan terhadap komplikasi cacar air meliputi bayi, wanita hamil, lansia, dan orang dengan gangguan sistem kekebalan tubuh, seperti penderita HIV atau pasien kanker (Lo Presti et al., 2019). Di Indonesia, kasus cacar air masih umum ditemukan, terutama pada anak-anak yang belum mendapatkan vaksinasi *varicella*. Data dari beberapa studi epidemiologis terbaru menunjukkan bahwa, meskipun vaksinasi *varicella* sudah tersedia, cakupannya di Indonesia masih terbatas, sehingga risiko penularan tetap tinggi di lingkungan padat penduduk (San Martin et al., 2023). Program vaksinasi yang lebih luas dan edukasi publik diharapkan dapat mengurangi insiden serta komplikasi dari infeksi *varicella* di masa depan (Hao et al., 2019).

2.1.2 Pemodelan Epidemiologi

Pemodelan epidemiologi adalah pendekatan kuantitatif yang digunakan untuk memahami penyebaran penyakit menular dalam populasi dan merancang strategi pengendalian kesehatan (Andina, 2023). Dasar teori pemodelan ini pertama kali dikenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927 yang mengembangkan model SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*), yang menjadi landasan utama untuk menggambarkan transisi individu dalam populasi dari rentan, terinfeksi, hingga sembuh (Capasso & Serio, 1978). Model ini mengasumsikan bahwa laju penularan dan pemulihan adalah faktor utama yang memengaruhi jumlah individu dalam setiap kompartemen, memberikan wawasan mendalam mengenai tingkat penyebaran penyakit berdasarkan interaksi populasi (Irwan et al., 2022). Populasi dibagi menjadi beberapa kompartemen pada model ini, yang masing-masing diwakili oleh persamaan diferensial yang menggambarkan laju perubahan kompartemen tersebut seiring waktu (Sari & Arfi, 2021).

Selanjutnya, berbagai modifikasi dari model dasar ini muncul untuk mengakomodasi kompleksitas penyakit menular modern. Misalnya, model SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) menambahkan fase inkubasi, yang relevan untuk penyakit yang memiliki periode laten sebelum seseorang menjadi infeksius (UKT, 2022). Selain itu, model SVEIR yang menambahkan kompartemen divaksinasi, digunakan untuk mengevaluasi dampak vaksinasi dalam mengendalikan wabah (El Hajji & Albargi, 2022). Dengan pendekatan ini, para peneliti dan pembuat kebijakan dapat mensimulasikan berbagai skenario intervensi, seperti vaksinasi, karantina, dan isolasi, untuk memahami efek jangka panjang pada penurunan jumlah kasus dan mengendalikan penyebaran penyakit di masyarakat.

2.1.3 Persamaan Diferensial

Persamaan diferensial adalah persamaan yang menghubungkan suatu fungsi dengan turunannya terhadap satu atau lebih variabel bebas. Persamaan ini berperan penting dalam mendeskripsikan perubahan

kontinu yang terjadi pada sistem dinamis, seperti aliran panas, pergerakan benda, atau dinamika populasi dalam pemodelan matematika. persamaan diferensial dapat menghubungkan laju perubahan suatu variabel dengan variabel-variabel terkait lainnya, yang memungkinkan peramalan atau prediksi perilaku sistem di masa depan (Kaus et al., 2017).

Persamaan diferensial dapat dibedakan menjadi dua jenis utama berdasarkan turunan variabel bebasnya, yaitu Persamaan Diferensial Biasa dan Persamaan Diferensial Parsial :

1. Persamaan Diferensial Biasa merupakan suatu persamaan diferensial yang melibatkan turunan dari satu atau lebih variabel tak bebas terhadap satu variabel bebasnya. Bentuk umum dari persamaan diferensial biasa adalah sebagai berikut:

$$\frac{dx}{dt} = f(x, t) \quad (2.1)$$

dimana x merupakan fungsi dari variabel waktu t , dan $\frac{dx}{dt}$ dapat dinyatakan sebagai laju perubahan x terhadap t . Persamaan diferensial biasa digunakan dalam pemodelan epidemiologi untuk membuat fungsi dalam setiap kompartemennya (Ramsay & Hooker, 2017).

2. Persamaan Diferensial Parsial merupakan suatu persamaan diferensial yang melibatkan turunan dari satu atau lebih variabel tak bebas terhadap lebih dari satu variabel bebasnya. Bentuk umum dari persamaan diferensial parsial adalah sebagai berikut:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = f\left(\frac{\partial u}{\partial x}, \frac{\partial u}{\partial y}, t\right) \quad (2.2)$$

menggambarkan bagaimana suatu fungsi u berubah terhadap waktu (t), dengan perubahan tersebut dipengaruhi oleh gradien spasial $\left(\frac{\partial u}{\partial x} \text{ dan } \frac{\partial u}{\partial y}\right)$ serta waktu itu sendiri. Persamaan ini sering digunakan untuk memodelkan fenomena dinamis yang melibatkan interaksi

antara ruang dan waktu, seperti penyebaran panas, difusi polutan, atau aliran fluida (Jian-peng et al., 2019)

2.1.4 Masalah Kestabilan

Penyelesaian sistem persamaan diferensial dapat diperoleh melalui metode analitik atau numerik. Namun, jika penyelesaian secara analitik maupun numerik sulit atau tidak memungkinkan, analisis kualitatif dapat dilakukan. Analisis ini melibatkan pemeriksaan kestabilan titik ekuilibrium untuk memahami perilaku sistem tersebut (Zulkifli, 2021). Analisis kestabilan dalam sistem dinamis bertujuan untuk memahami bagaimana suatu sistem berperilaku seiring waktu, terutama ketika mengalami gangguan kecil di sekitar titik keseimbangan (Jannah et al., 2021).

Kestabilan titik ekuilibrium digunakan untuk menentukan apakah titik ekuilibrium dalam suatu sistem persamaan diferensial bersifat stabil atau tidak. Sebuah sistem dikatakan stabil jika perubahan kecil pada sistem hanya menyebabkan perubahan kecil pada perilaku solusinya di masa depan. Sebaliknya, jika perubahan kecil pada sistem menyebabkan perubahan signifikan pada perilaku solusinya, maka sistem tersebut dianggap tidak stabil.

Sistem persamaan diferensial linear, misalkan matriks A berukuran $n \times n$ memiliki nilai eigen yang diperoleh dari menyelesaikan persamaan karakteristik:

$$|A - \lambda I| = 0 \quad (2.3)$$

sedangkan pada sistem persamaan diferensial tidak linear sekitar titik ekuilibrium dapat ditentukan melalui linearisasi sistem dengan menggunakan ekspansi deret *taylor* disekitaran ekuilibrium dengan cara mengabaikan suku-suku yang pangkatnya lebih dari satu pada hasil ekspansi deret *taylor* disekitar titik tersebut sehingga diperoleh matriks *jacobian* seperti berikut:

$$J(x^*, y^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial}{\partial x} \frac{dx}{dt} & \frac{\partial}{\partial y} \frac{dx}{dt} \\ \frac{\partial}{\partial x} \frac{dy}{dt} & \frac{\partial}{\partial y} \frac{dy}{dt} \end{pmatrix} \quad (2.4)$$

Nilai eigen dari matriks Jacobian ini negatif, maka sistem persamaan diferensial tersebut stabil, sedangkan jika nilai eigen positif, sistem tersebut tidak stabil. Hal ini menunjukkan bahwa stabilitas sistem sangat bergantung pada tanda nilai eigen matriks Jacobian, seperti yang dijelaskan dalam penelitian oleh (Gomes et al., 2022), yang menunjukkan bahwa eigenvalue analysis berperan penting dalam penilaian stabilitas sistem nonlinear (Gomes et al., 2022). Selain itu, Chen et al., 2020 juga menyoroti penggunaan matriks Jacobian dalam analisis stabilitas sistem dinamik nonlinear, di mana kestabilan ditentukan oleh tanda nilai eigen dari matriks tersebut (Huang et al., 2019) juga membahas aplikasi praktis dari matriks Jacobian untuk menilai stabilitas dalam persamaan diferensial nonlinear (Huang et al., 2019)

2.1.5 Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar atau R_0 adalah konsep fundamental dalam pemodelan epidemiologi yang menunjukkan ambang batas dalam kasus endemik pada suatu populasi. Nilai R_0 digunakan untuk menentukan banyaknya potensi penyebaran suatu penyakit menular (Lusiana, 2022). Jika $R_0 > 1$ maka infeksi cenderung menyebar secara eksponensial, sedangkan jika $R_0 < 1$ menunjukkan bahwa infeksi akan mereda dan pada akhirnya penyakit tersebut menghilang (Dharmaratne et al., 2020). R_0 awal dapat ditentukan dengan menggunakan *New Generation Matrix* (NGM) sebagai nilai eigen terbesar dari matriks FV^{-1} . Langkah-langkah untuk menentukan bilangan reproduksi dasar dengan NGM yaitu:

1. Lakukan pelinearan pada sistem subsistem terinfeksi disekitar titik ekuilibrium bebas penyakit. Sistem linear ini direpresentasikan dengan matriks *jacobian*.
2. Dekomposisi matriks *jacobian* menjadi matriks Transmisi (F) dan matriks Transisi (V). Matriks Transmisi adalah matriks dengan entri-entri yang menggambarkan munculnya infeksi baru, sedangkan matriks Transisi adalah matriks dengan entri-entri yang menggambarkan perubahan populasi terinfeksi. Hitung R_0 dengan persamaan sebagai berikut:

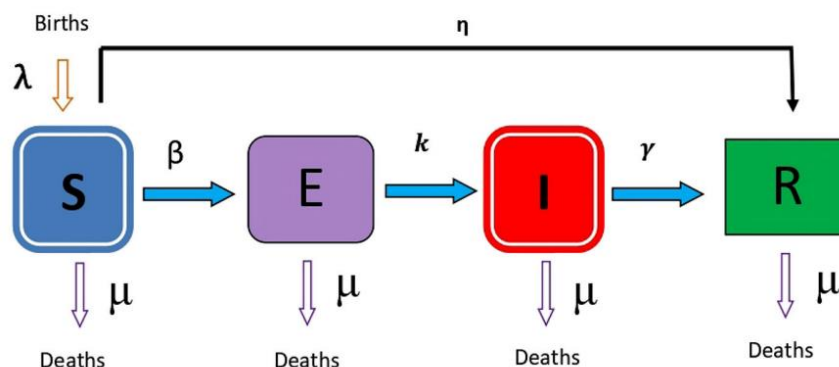
$$R_0 = \rho(FV^{-1}) \quad (2.5)$$

Persamaan tersebut ρ menyatakan nilai eigen terbesar dari matriks FV^{-1} . Konsep R_0 telah diperluas dalam berbagai model lain, seperti SEIR yang menambahkan kompartemen terpapar dengan memperhitungkan faktor masa inkubasi virus. Bilangan reproduksi dasar ini memberikan penilaian intervensi kesehatan pada masyarakat, seperti tindakan vaksinasi atau karantina penting atau tidak untuk mengurangi laju penyebaran penyakit.

2.1.6 Model Penyakit Cacar

Model dasar yang digunakan untuk penyebaran penyakit menular, seperti cacar air adalah model SEIR (Izzati & Andriani, 2021). Model ini mengelompokkan populasi menjadi lima kompartemen utama: S (*Susceptible*) untuk individu rentan yang belum terinfeksi, E (*Exposed*) untuk individu yang terpapar virus tetapi belum menular, I (*Infected*) untuk individu yang terinfeksi dan mampu menularkan penyakit dan R (*Recovered*) untuk individu yang telah sembuh dengan imunitas jangka panjang (Almutairi et al., 2023).

Secara umum model epidemiologi SEIR dapat dilihat pada diagram transfer dan dimodelkan dalam persamaan diferensial berikut:



Gambar 2. 1 Model SEIR

Sumber : Paul (2022)

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \lambda - \beta SI - \mu S - \eta S \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta SI - (\mu + k)E \\
 \frac{dI}{dt} &= kE - (\mu + \gamma)I \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R + \eta S
 \end{aligned}
 \tag{2.6}$$

Dengan:

S: Populasi rentan (*susceptible*)

E: Populasi terekspos (*exposed*)

I: Populasi terinfeksi (*infected*)

R: Populasi sembuh (*recovered*)

λ : Laju kelahiran dalam populasi

μ : Laju kematian dalam populasi

β : Laju penularan penyakit dari individu rentan (S) yang berinteraksi dengan individu terinfeksi (I)

k : Laju transisi dari individu terekspos (E) ke individu terinfeksi (I)

γ : Laju pemulihan individu terinfeksi (I) menjadi kebal (R).



2.2 Hasil Penelitian terdahulu

Berikut adalah beberapa penelitian terkait dengan pemodelan epidemiologi penyakit menular:

Tabel 2. 1 Hasil Penelitian Terdahulu

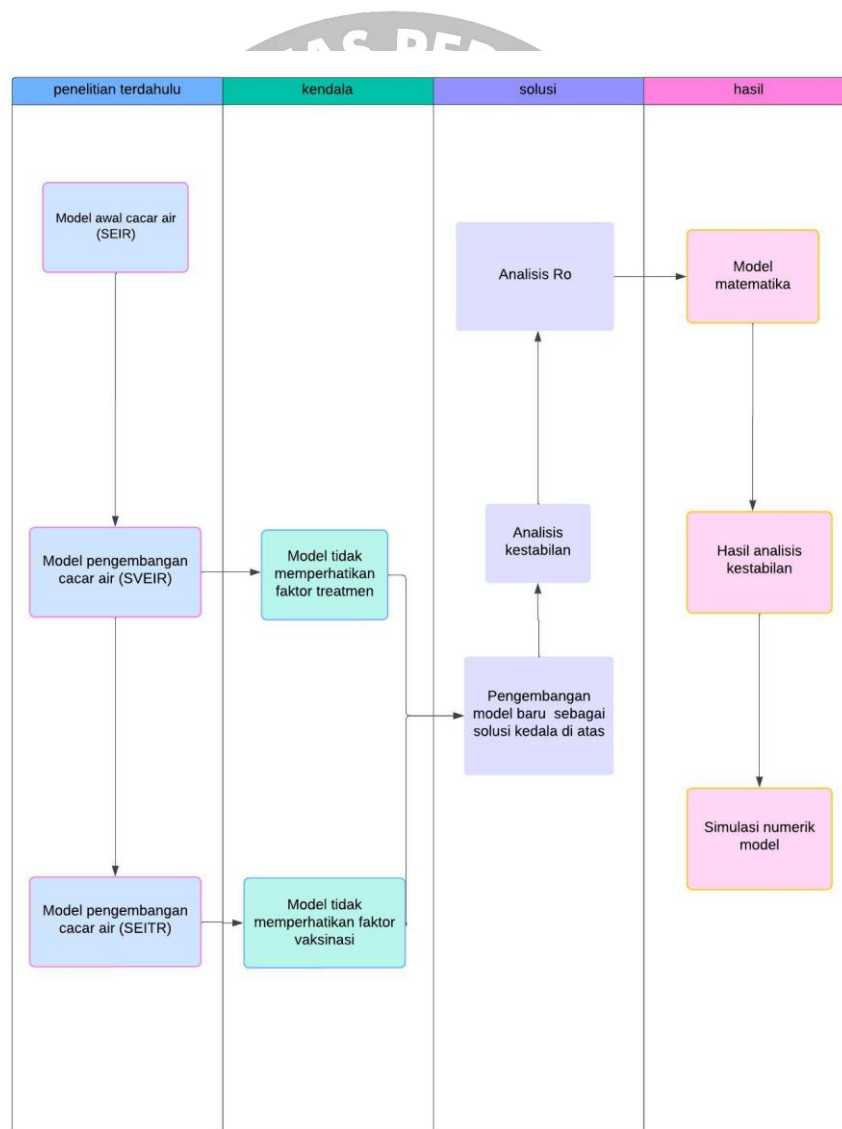
No	Penulis (Tahun)	Judul Penelitian	Metode	Hasil
1	Jose, Sayooj Aby Raja, R. Dianavinnarasi, J. Baleanu, D. Jirawattanapanit , A. (2023)	Mathematical Modeling of Chickenpox In Phuket: Efficacy of Precautionary Measures and Bifurcation Analysis	Menggunakan Pemodelan Epidemiologi SVEIR dan Menganalisis Langkah Pencegahan terhadap R_0	Pemodelan cacar air dengan pendekatan SVEIR di Phuket sangat efektif dalam menurunkan R_0 dengan meningkatkan pencegahan cacar air sebesar 80% sehingga R_0 turun menjadi 0,06 sehingga kasus menurun hingga 428 orang di hari ke-50.
2	Musarifa Hikmah Fardinah (2021)	Analisis Model Matematika Seitr pada Penyakit Cacar Air	Menggunakan Pemodelan Epidemiologi SEITR dan Analisis model dengan <i>Routh- Hurwitz</i>	Hasil yang diperoleh dari model SEITR terdapat dua titik kesetimbangan, bebas penyakit dan endemi. Penyakit akan hilang ketika $R_0 < 1$ yaitu 0,58 dan penyakit akan mewabah ketika $R_0 > 1$ yaitu saat $R_0 = 2,8$

No	Penulis (Tahun)	Judul Penelitian	Metode	Hasil
3	Nur Amalia Khaerunnisa, Yuki Novia Nasution, Moh. Nurul Huda (2022)	Analisis Kestabilan Model Epidemik SEI pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis	Menggunakan Model SEI dan Analisis pada R_0	Penelitian ini menemukan bahwa stabilitas titik kesetimbangan sangat tergantung pada nilai R_0 . Jika R_0 kurang dari 1, penyakit akan menghilang, sedangkan jika R_0 lebih besar atau sama dengan 1, penyakit akan tetap ada dalam populasi, menjadikannya endemik.
4	A. El Mesady, Hegagi Mohamed Ali (2024)	The Influence of Prevention And Isolation Measures to Control the Infections of the Fractional Chickenpox Disease Model	Menggunakan Pemodelan Epidemiologi $SVEIIR$ dan menyusun strategi untuk penyebaran wabah penyakit	Penelitian pni menghitung kestabilan R_0 dengan grafik dari model cacar air yang dibuat selanjutnya menyusun 3 strategi untuk melakukan simulasi pengendalian wabah penyakit.

Sumber : Jose et al(2023), Musarifa(2021), Khoirunisa et al(2022), Mesadi et al (2024)

2.3 Kerangka Berpikir

Kerangka berpikir yang dirancang untuk penelitian mengenai pemodelan epidemiologi pada kasus *varicella* dengan fokus pada analisis nilai R_0 . Kerangka berpikir ini menjelaskan alur logis dan tahapan yang dilakukan dalam penelitian untuk mencapai tujuan yang telah ditetapkan sebagaimana pada Gambar 2.2 berikut



Gambar 2. 2 Kerangka Berpikir Penelitian

Sumber: Diolah oleh Peneliti

Gambar 2.2 menggambarkan kerangka berpikir untuk penelitian tentang pemodelan epidemiologi pada kasus penyakit menular *varicella* dengan fokus pada analisis nilai R_0 . Kerangka ini dimulai dengan tahap awal berupa pengumpulan data dari sumber terpercaya, seperti studi literatur dari jurnal kesehatan. Data yang dikumpulkan akan digunakan sebagai dasar untuk membangun asumsi-asumsi awal yang relevan dengan model epidemiologi *varicella*.

Tahap berikutnya adalah membangun model epidemiologi baru yang menggabungkan penelitian terdahulu tentang pemodelan epidemiologi *varicella* SVEIR dan SEITR menjadi model SVEITR (*Susceptible, Vaccinated, Exposed, Infected, Treated, Recovered*) yang merepresentasikan dinamika penyebaran *varicella* di populasi. Selanjutnya, model ini dianalisis untuk menentukan kestabilan titik ekuilibrium dengan menggunakan metode matematika yang relevan.

Tahap penting dalam penelitian ini adalah analisis nilai dasar reproduksi R_0 , yang dihitung menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Nilai R_0 menunjukkan rata-rata jumlah individu yang dapat terinfeksi oleh satu individu dalam populasi yang sepenuhnya rentan. Jika $R_0 < 1$, maka epidemi diperkirakan akan mereda, dan penelitian dapat berlanjut pada visualisasi simulasi model untuk menunjukkan skenario penyebaran dan kontrol penyakit. Namun, jika $R_0 > 1$, maka model memerlukan analisis sensitivitas lebih lanjut untuk mengevaluasi parameter-parameter kritis yang memengaruhi penyebaran cacar air.

Tahapan terakhir pada penelitian ini adalah simulasi model digunakan untuk memvisualisasikan perilaku sistem dalam berbagai kondisi, memberikan wawasan yang lebih mendalam tentang dinamika penyakit dan efektivitas intervensi. Kerangka ini memberikan pendekatan sistematis untuk memahami, memprediksi, dan mengontrol penyebaran *varicella* di Indonesia.

BAB III

METODOLOGI PENELITIAN

3.1 Metode dan Desain Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian kuantitatif eksperimental dengan melakukan pemodelan matematika dan simulasi untuk mengkaji dinamika penyebaran penyakit cacar air di Indonesia. Penelitian ini akan mengembangkan model epidemiologi SEITR seperti pada Gambar 3.2 dengan menambahkan kompartemen vaksinasi sehingga menjadi model SVEITR. Penelitian dilanjutkan dengan menghitung dan menganalisis bilangan reproduksi dasar (R_0) serta membuat simulasi numerik dari model tersebut. Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder yang didapatkan melalui analisis literatur atau dari *opensouce* epidemiologi terpercaya yang mengandung informasi terkait tingkat penularan, masa inkubasi, tingkat vaksinasi, tingkat kesembuhan, serta data populasi yang terpapar cacar air dst.

3.2 Tempat dan Waktu Penelitian

Penelitian ini dilakukan selama bulan di Laboratorium Matematika Universitas Pertahanan Republik Indonesia Jawa Barat dari bulan November 2024 – April 2025.

Tabel 3. 1 Jadwal Penelitian

No	Kegiatan	2024				2025			
		Sep	Okt	Nov	Des	Jan	Feb	Mar	Apr
1.	Pembuatan Draft Skripsi								
2.	Proses Pembimbingan								
3.	Sidang Seminar Proposal Skripsi								
4.	Perbaikan Proposal Skripsi								
5.	Pengumpulan Data								
6.	Analisis Data								
7.	Penyusunan Laporan Penelitian/Skripsi								
8.	Sidang Seminar Hasil Skripsi								
9.	Sidang Skripsi								
10.	Perbaikan Skripsi								
11.	Penyerahan Skripsi kepada Program Studi								

3.3 Alat dan Bahan

Data yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh melalui berbagai sumber resmi di bidang kesehatan dan epidemiologi, seperti BPJS dan Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan yang dapat di akses

melalui web kesehatan maupun jurnal publikasi kesehatan. Penelitian ini menggunakan data angka insiden cacar air, tingkat penularan, cakupan vaksinasi, periode inkubasi, serta tingkat pemulihan dan perawatan yang relevan. Pengolahan dan pemodelan data dilakukan dengan menggunakan Matlab R2022a dan Maple 22 sebagai perangkat untuk analisis pemodelan dan simulasi. Maple digunakan dalam membangun model SVEITR serta menghitung nilai R_0 melalui pendekatan *Next Generation Matrix* (NGM). Selain itu, Matlab mendukung simulasi numerik dan visualisasi hasil analisis model dalam bentuk grafik, yang berperan dalam menilai dampak berbagai intervensi seperti vaksinasi dan perawatan medis terhadap penyebaran cacar air.

3.4 Variabel Penelitian

Penelitian ini menyoroti beberapa faktor penting yang memengaruhi pola penyebaran cacar air dalam populasi menggunakan model SVEITR. Faktor-faktor ini meliputi:

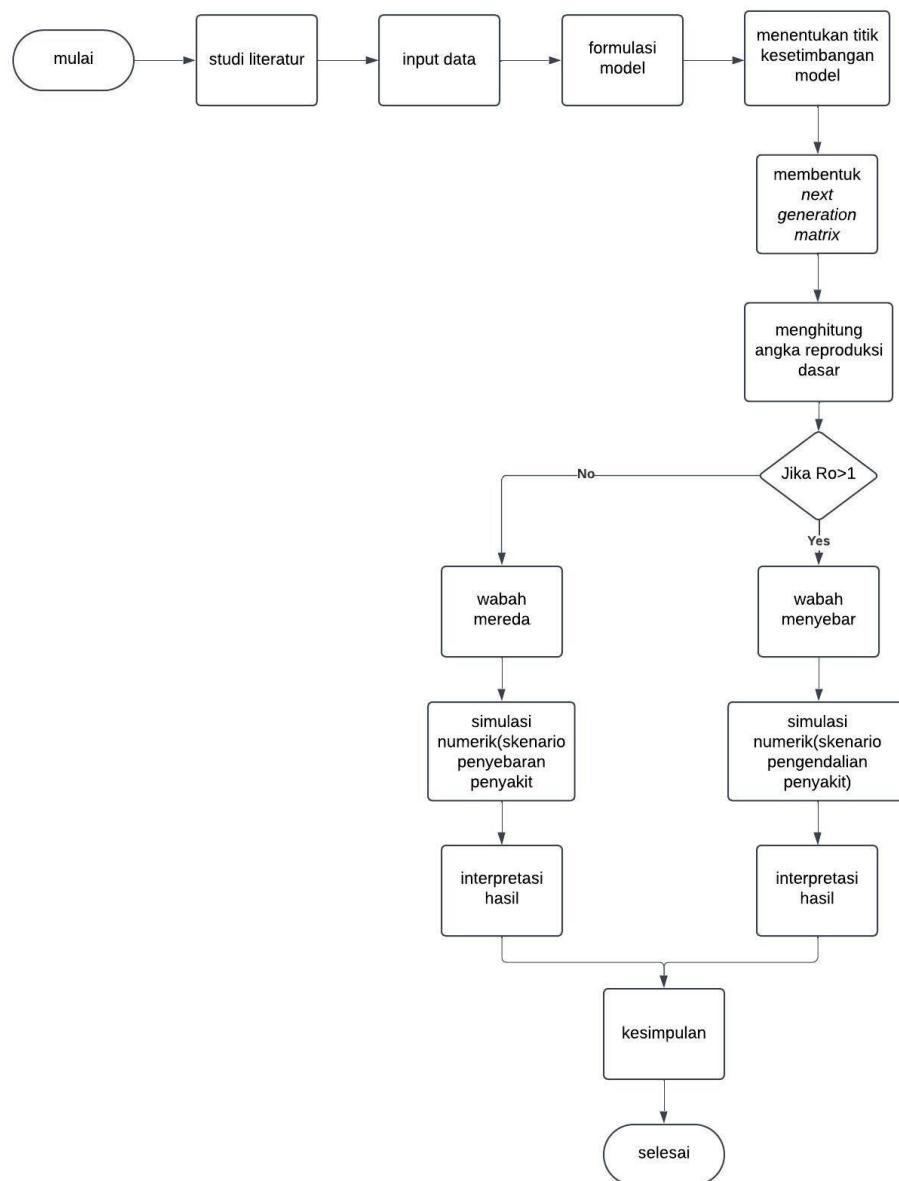
Tabel 3.2 Variabel Penelitian

VARIABEL BEBAS		
Variabel	Keterangan	Satuan
t	Waktu	hari
VARIABEL TERIKAT		
Variabel	Keterangan	Satuan
S	Jumlah populasi yang rentan terhadap <i>varicella</i>	Orang/hari
V	Jumlah populasi yang divaksin <i>varicella</i>	Orang/hari
E	Jumlah individu yang bergejala <i>varicella</i>	Orang/hari
I	Jumlah individu yang terinfeksi <i>varicella</i>	Orang/hari
T	Jumlah individu yang melakukan treatment <i>varicella</i>	Orang/hari
R	Jumlah individu yang sembuh dari <i>varicella</i>	Orang/hari

PARAMETER MODEL		
Variabel	Keterangan	Satuan
A	Laju Kelahiran	Parameter/hari
α	Laju vaksinasi dari individu <i>Susceptible</i> (S) ke <i>Vaccinated</i> (V)	Parameter/hari
δ	Laju individu divaksin yang tetap terinfeksi	Parameter/hari
β	Laju penularan infeksi dari individu yang terinfeksi ke individu rentan	Parameter/hari
γ	laju transisi individu dari fase terpapar (E) menjadi fase terinfeksi (I) setelah masa inkubasi berakhir	Parameter/hari
ψ	Laju individu terinfeksi menuju fase pengobatan	Parameter/hari
ε_1	laju pemulihan individu dari fase pengobatan menuju fase pulih	Parameter/hari
ε_2	laju pemulihan individu dari fase terinfeksi menuju fase pulih tanpa menjalani pengobatan	Parameter/hari
η	Laju individu kehilangan kekebalan dari individu yang pulih (R) dan kembali menjadi individu rentan	Parameter/hari
μ	Laju kematian alami pada setiap populasi	Parameter/hari

Sumber : diolah oleh peneliti

3.5 Prosedur Penelitian

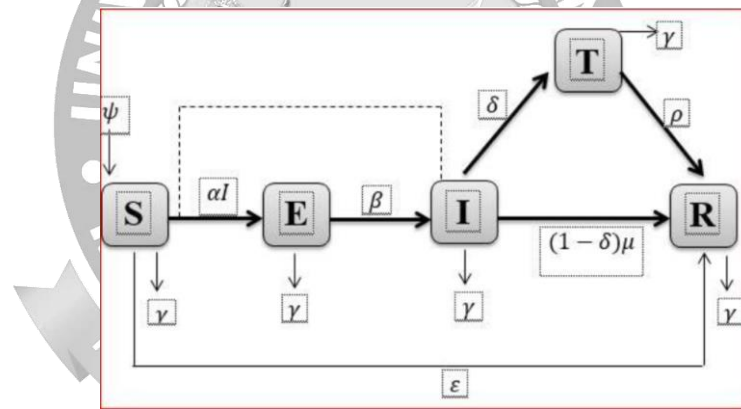


Gambar 3. 1 Diagram Alur Prosedur Penelitian

Sumber : diolah oleh peneliti

Penelitian ini dimulai dengan melakukan studi literatur untuk mengumpulkan informasi, kendala, dan data terkait dinamika penyebaran penyakit cacar air. Penelitian terdahulu telah memodelkan menggunakan model SEIR yang selanjutnya berkembang menjadi model SVEIR dengan menambahkan kompartemen vaksinasi. Model ini memiliki kekurangan

yang mana tidak ada perawatan untuk menjadi populasi *recovered*. Penelitian lain menyebutkan bahwa terdapat pengembangan model epidemiologi lain yang membahas tentang varicella yaitu model SEITR dengan menambahkan kompartemen *treatmen* atau sembuh dengan perawatan. Selanjutnya dalam penelitian tersebut menyebutkan bahwa memiliki kendala yang mana data vaksinasi yang kurang lengkap sehingga analisis bilangan reproduksi dasar masih kurang efektif. Studi literatur yang dicari mencakup data seperti tingkat vaksinasi (ϑ), tingkat penularan (β), masa inkubasi (α), laju pemulihan (γ), dan laju perawatan (τ), serta hasil penelitian terdahulu yang mendukung pemodelan matematika.

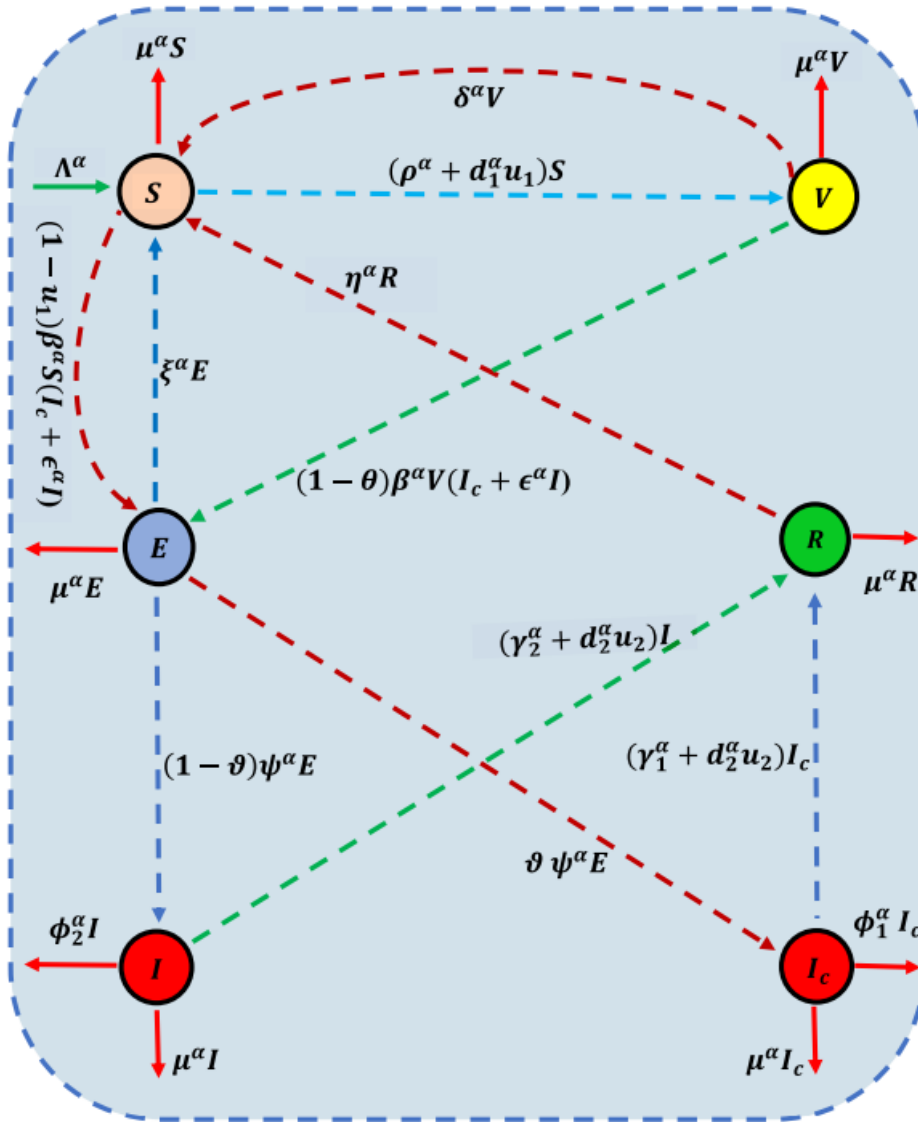


Gambar 3. 2 Diagram Model SEITR

Sumber : Musarifa (2021)

dengan :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \psi - \alpha SI - \varphi S - \vartheta S - \gamma S \\
 \frac{dE}{dt} &= \theta IV + \alpha SI - \beta E \\
 \frac{dI}{dt} &= \beta E - (\delta + \mu(1 - \delta) + \gamma)I \\
 \frac{dT}{dt} &= \beta = \delta I + \rho T - \gamma T \\
 \frac{dT}{dt} &= \varphi S + \mu(1 - \delta)I + \rho T - \gamma R
 \end{aligned} \tag{3.1}$$



Gambar 3. 3 Diagram Model SVEIR

Sumber : El Mesadi & Ali (2024)

dengan :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \Lambda - (\beta^\alpha S(I_c + \epsilon^\alpha I)) - \delta^\alpha S - \mu^\alpha S \\
 \frac{dV}{dt} &= \delta^\alpha S - \rho^\alpha V - \mu^\alpha V \\
 \frac{dE}{dt} &= (\beta^\alpha S(I_c + \epsilon^\alpha I)) + (1 - \theta)\beta^\alpha V(I_c + \epsilon^\alpha I) - (1 - \psi^\alpha)\xi^\alpha E - \mu^\alpha E \\
 \frac{dI}{dt} &= (1 - \psi^\alpha)\xi^\alpha E - \phi^\alpha I - (\gamma_1^\alpha + d_2^\alpha u_2)I - \mu^\alpha I
 \end{aligned} \tag{3.2}$$

$$\frac{dI_c}{dt} = \phi^\alpha I - (\gamma_2^\alpha + d_2^\alpha u_2) I_c - \mu^\alpha I_c$$

$$\frac{dR}{dt} = (\gamma_1^\alpha + d_2^\alpha u_2) I + (\gamma_2^\alpha + d_2^\alpha u_2) I_c - \eta^\alpha R - \mu^\alpha R$$

Langkah berikutnya adalah membangun Next Generation Matrix (NGM) untuk menghitung bilangan reproduksi dasar (R_0). Nilai (R_0) yang dihitung digunakan untuk mengevaluasi potensi penyebaran penyakit. Jika $R_0 > 1$, ini menunjukkan bahwa wabah memiliki potensi untuk menyebar lebih luas dalam populasi. Sebaliknya, jika $R_0 \leq 1$, wabah cenderung mereda atau berhenti menyebar.

Berdasarkan hasil analisis nilai R_0 , simulasi numerik dilakukan untuk mengeksplorasi berbagai skenario, baik untuk melihat perkembangan penyebaran penyakit ketika $R_0 > 1$ maupun untuk mengevaluasi strategi intervensi seperti vaksinasi atau perawatan medis untuk menurunkan nilai R_0 . Simulasi ini bertujuan untuk menghasilkan visualisasi dinamika penyakit dalam berbagai kondisi. Hasil simulasi kemudian diinterpretasikan untuk memberikan wawasan tentang dinamika penyebaran penyakit dan efektivitas intervensi yang diusulkan.

Akhirnya, hasil interpretasi dikompilasi untuk merumuskan kesimpulan penelitian. Kesimpulan ini mencakup evaluasi dinamika penyakit cacar air berdasarkan model SVEITR serta rekomendasi intervensi berbasis hasil analisis model dan simulasi yang telah dilakukan. Penelitian diakhiri dengan penyusunan laporan lengkap yang merangkum seluruh prosedur, hasil, dan implikasi dari penelitian ini.

2.6 Metode Analisis

Penelitian ini menggunakan model awal SVEIR dan SEITR yang kemudian model tersebut dikembangkan menjadi SVEITR, metode analisis yang akan dilakukan dalam penelitian ini :

1. Analisis kestabilan titik equilibrium

Metode analisis kestabilan bertujuan untuk mengevaluasi apakah solusi sistem epidemiologi akan kembali ke titik ekuilibrium setelah

terganggu oleh gangguan kecil. Titik ekuilibrium diperoleh dengan menyelesaikan sistem persamaan diferensial pada kondisi stasioner ($\frac{dx}{dt} = 0$), di mana $X = (S, E, I, R, \dots)$ mewakili kompartemen dalam model. Untuk menentukan kestabilan titik ekuilibrium, digunakan pendekatan linierisasi dengan membangun matriks Jacobian, yaitu matriks turunan parsial sistem terhadap variabel model.

Matriks Jacobian didefinisikan sebagai:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{bmatrix} \quad (3.3)$$

fungsi f_i adalah fungsi perubahan laju kompartemen x_i .

Stabilitas ditentukan dengan menganalisis nilai eigen (λ) dari matriks *Jacobian* pada titik ekuilibrium:

- a) Jika semua nilai eigen memiliki bagian real negatif ($R_e(\lambda) < 0$), maka titik ekuilibrium stabil secara asimtotik.
- b) Jika ada nilai eigen dengan bagian real positif ($R_e(\lambda) > 0$), maka titik ekuilibrium tidak stabil.

2. Analisis bilangan reproduksi dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) dapat dihitung dari nilai eigen matriks Jacobian. Untuk model epidemiologi SEIR (atau variasinya seperti SVEITR), R_0 sering kali dihitung sebagai

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu + \delta} \quad (3.4)$$

dimana β adalah laju penularan, dan γ , μ , dan δ adalah laju pemulihan, kematian alami, dan transisi lainnya (misalnya dari terpapar ke infeksi).

Setelah R_0 dihitung, analisis nilai R_0 untuk menentukan potensi penyebaran wabah dalam populasi:

- Jika $R_0 > 1$, infeksi dapat berkembang biak dan menyebar dalam populasi.
- Jika $R_0 < 1$, infeksi akan cenderung mereda dan tidak akan menyebar.
- $R_0 = 1$ menunjukkan titik keseimbangan yang sangat kritis, di mana infeksi tidak berkembang atau menurun.

3. Analisis sensitivitas

Analisis sensitivitas bertujuan untuk mengukur pengaruh perubahan parameter model terhadap hasil model, seperti bilangan reproduksi dasar (R_0) atau prevalensi penyakit. Hal ini membantu mengidentifikasi parameter yang paling signifikan dalam memengaruhi penyebaran penyakit, sehingga dapat memandu strategi pengendalian.

Sensitivitas suatu hasil model Y terhadap parameter p dalam bentuk sensitivitas elastisitas (relatif) dapat dinyatakan sebagai:

$$ES_p^Y = \frac{\partial Y}{\partial p} \cdot \frac{p}{Y} \quad (3.5)$$

BAB IV HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

4.1 Asumsi Model

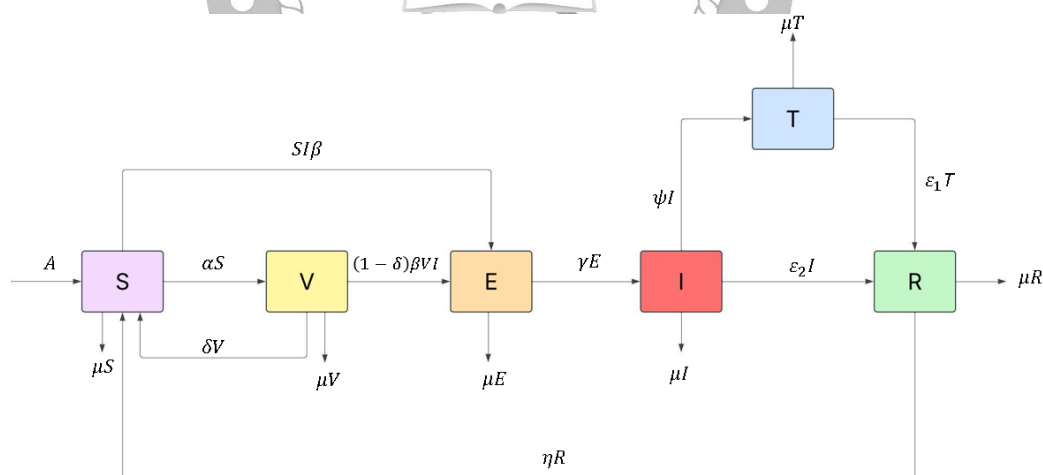
Model matematika yang dikembangkan dalam penyebaran penyakit *varicella* adalah model SVEITR dengan membagi populasi individu menjadi enam kompartemen: *Susceptible* (S) yaitu individu yang rentan terhadap penyakit *varicella*, *Vaccined* (V) yaitu individu yang telah menerima vaksin *varicella*, *Exposed* (E) yaitu individu pada fase inkubasi virus yang telah terpapar virus *varicella* tapi belum menunjukkan gejala penyakit *varicella*, *Infected* (I) yaitu individu yang sedang mengalami gejala dan dapat menularkan virus *varicella* kepada orang lain dengan probabilitas yang sama, *Treated* (T) yaitu individu yang sedang dalam pengobatan atau perawatan dari penyakit *varicella*, *Recovered* (R) yaitu individu yang telah sembuh dari penyakit *varicella*. Berdasarkan pada sejumlah kompartemen-kompartemen tersebut dibuat asumsi yang bertujuan untuk menyederhanakan kompleksitas pemodelan matematika penyebaran penyakit *varicella* tanpa menghilangkan esensi dinamika epidemiologi yang terjadi. Asumsi-asumsi tersebut adalah :

1. Karakteristik penyakit *varicella* di tiap negara dianggap sama dengan tidak mempertimbangkan faktor iklim, sehingga dapat menggunakan data dari wilayah berbeda menurut Cheng et al., 2022.
2. Populasi dibedakan menjadi 6 kelompok yaitu *Susceptible* (S), *Vaccined* (V), *Exposed* (E), *Infected* (I), *Treated* (T), dan *Recovered* (R).
3. Populasi yang terinfeksi dikelompokkan dalam dua kategori yaitu populasi *Exposed* (E) dimana individu-individu terinfeksi tetapi belum menularkan penyakit dan populasi *Infected* (I) individu-individu terinfeksi dan dapat menularkan penyakit.
4. Jumlah populasi kematian dan kelahiran konstan.
5. Penyakit dapat disembuhkan secara alami dan treatment.

6. Individu yang telah sembuh dapat Kembali menjadi individu rentan.
7. Individu yang telah divaksinasi dapat terkena penyakit dan dapat Kembali menjadi individu rentan.
8. Terdapat laju kematian alami pada setiap subpopulasi.
9. Faktor kelahiran diasumsikan masuk dalam subpopulasi rentan.

4.2 Konstruksi Model

Variabel dan parameter yang telah didefinisikan di tabel 3.2 di atas dan sejumlah asumsi yang telah ditentukan akan digunakan sebagai dasar pembuatan diagram transmisi penyebaran penyakit *varicella* yang selanjutnya akan dilakukan pembentukan model matematika penyebaran penyakit *varicella* dengan pengaruh vaksin dan pengobatan direpresentasikan sebagai berikut :



Gambar 4. 1 Diagram Model Penyebaran Varicella

Sumber : diolah oleh peneliti

Berikut adalah penjelasan proses pembentukan model transmisi *varicella* untuk tiap kompartemen.

1. Kompartemen *Susceptible*
 - a. Bertambahnya populasi disebabkan oleh masuknya individu baru ke dalam populasi melalui proses *requirtment rate* yang diasumsikan masuk ke kompartemen rentan dengan laju A ,

sehingga menambah populasi sebesar A individu per satuan waktu.

- b. Berkurangnya populasi karena proses vaksinasi, yaitu sebagian individu rentan mendapatkan vaksinasi dan berpindah ke kompartemen V dengan laju α . Maka, pengurangan populasi S akibat vaksinasi adalah sebesar αS per satuan waktu.
- c. Berkurangnya populasi rentan karena infeksi, yaitu individu rentan yang melakukan kontak dengan individu yang terinfeksi I dan kemudian terinfeksi penyakit *varicella*. Tingkat kontak diasumsikan sebesar β , sehingga jumlah individu rentan yang terinfeksi dan berpindah ke kompartemen E adalah sebesar βSI per satuan waktu.
- d. Berkurangnya populasi karena kematian alami, yaitu individu dalam kompartemen S yang meninggal dunia secara alami dengan laju μ , maka pengurangannya adalah sebesar μS per satuan waktu.
- e. Bertambahnya populasi S karena kehilangan kekebalan, yaitu individu yang sebelumnya berada pada kompartemen *Vaccined* dan *Recovered* dapat kehilangan imunitasnya. Individu dari kompartemen V kembali menjadi rentan dengan laju δ , sehingga menambah S sebesar δV . Sementara itu, individu dari kompartemen R berpindah ke S dengan laju kehilangan kekebalan η , sehingga menambah populasi S sebesar ηR .

Dengan demikian, laju perubahan populasi rentan S selama selang waktu t adalah:

$$\frac{dS}{dt} = A + \delta V + \eta R - \alpha S - \beta SI - \mu S$$

2. Kompartemen *Vaccined*

- a. Bertambahnya populasi disebabkan oleh proses vaksinasi terhadap individu yang sebelumnya berada pada kompartemen

S dengan laju vaksinasi sebesar α . Maka, populasi V bertambah sebesar αS per satuan waktu.

- b. Berkurangnya populasi karena infeksi, yaitu sebagian individu yang telah divaksinasi masih berpotensi terinfeksi penyakit varicella (vaksin tidak 100% efektif). Infeksi ini terjadi dengan laju $(1 - \delta)\beta VI$, sehingga populasi V berkurang sebesar $(1 - \delta)\beta V$, per satuan waktu.
- c. Berkurangnya populasi karena kehilangan kekebalan pasca vaksinasi, dengan laju δ , yang menyebabkan individu berpindah kembali ke kompartemen S , sehingga populasi V berkurang sebesar δV .
- d. Berkurangnya populasi karena kematian alami individu yang berada di dalam kompartemen V , dengan laju kematian μ , maka populasi berkurang sebesar μV .

Dengan demikian, laju perubahan populasi dalam kompartemen V adalah:

$$\frac{dV}{dt} = \alpha S - (1 - \delta)\beta VI - \delta V - \mu V$$

3. Kompartemen *Exposed*

- a. Bertambahnya populasi akibat individu rentan S yang terinfeksi dan berpindah ke E dengan laju infeksi sebesar βSI
- b. Bertambahnya populasi dari individu yang telah divaksinasi namun masih bisa terinfeksi, yaitu dari kompartemen V , dengan laju infeksi $(1 - \delta)\beta VI$.
- c. Berkurangnya populasi karena transisi ke fase infeksius aktif I , dengan laju γ , sehingga populasi E berkurang sebesar γE .
- d. Berkurangnya populasi karena kematian alami dengan laju μ , maka populasi berkurang sebesar μE

Dengan demikian, laju perubahan populasi dalam kompartemen E adalah:

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI + (1 - \delta)\beta VI - \gamma E - \mu E$$

4. Kompartemen *Infected*

Perubahan populasi I selama waktu t dipengaruhi oleh:

- a. Bertambahnya populasi akibat individu yang sebelumnya berada pada kompartemen E yang berkembang menjadi infeksius dengan laju γ , sehingga populasi I bertambah sebesar γE .
- b. Berkurangnya populasi karena proses penyembuhan alami dengan laju ε_2 , sehingga populasi I berkurang sebesar $\varepsilon_2 I$.
- c. Berkurangnya populasi karena individu berpindah ke kompartemen T dengan laju ψ , sehingga pengurangan terjadi sebesar ψI .
- d. Berkurangnya populasi karena kematian alami dengan laju μ , menyebabkan pengurangan sebesar μI .

Dengan demikian, laju perubahan populasi dalam kompartemen I adalah:

$$\frac{dI}{dt} = \gamma E - \psi I - \varepsilon_2 I - \mu I$$

5. Kompartemen *Treated*

Perubahan populasi T selama waktu t dipengaruhi oleh:

- a. Bertambahnya populasi karena individu dari kompartemen I yang tidak sembuh secara alami, melainkan menjalani perawatan, berpindah ke T dengan laju ψ , sehingga populasi T bertambah sebesar ψI .
- b. Berkurangnya populasi karena sembuh dari perawatan dan berpindah ke kompartemen R , dengan laju ε_1 , sehingga populasi T berkurang sebesar $\varepsilon_1 T$.

- c. Berkurangnya populasi karena kematian alami dengan laju μ , menyebabkan pengurangan sebesar μT .

Dengan demikian, laju perubahan populasi dalam kompartemen T adalah:

$$\frac{dT}{dt} = \psi I - \varepsilon_1 T - \mu T$$

6. Kompartemen *Recovered*

Perubahan populasi R selama waktu t dipengaruhi oleh:

- Bertambahnya populasi karena individu yang sembuh dari infeksi secara alami, yaitu dari kompartemen I dengan laju kesembuhan ε_2 , menghasilkan peningkatan populasi R sebesar $\varepsilon_2 I$.
- Bertambahnya populasi dari individu dalam perawatan T yang sembuh, dengan laju ε_1 , menambah populasi R sebesar $\varepsilon_1 T$.
- Berkurangnya populasi karena kehilangan kekebalan dan berpindah kembali ke kompartemen S , dengan laju η , maka populasi R berkurang sebesar ηR .
- Berkurangnya populasi karena kematian alami dengan laju μ , mengurangi populasi sebesar μR .

Dengan demikian, laju perubahan populasi dalam kompartemen R adalah:

$$\frac{dR}{dt} = \varepsilon_2 I + \varepsilon_1 T - \eta R - \mu R$$

Interaksi dari masing-masing kompartemen pada gambar 4.1 dapat ditetapkan persamaan model matematika penyebaran *varicella* sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= A + \delta V + \eta R - \alpha S - \beta SI - \mu S \\
\frac{dV}{dt} &= \alpha S - (1 - \delta)\beta VI - \delta V - \mu V \\
\frac{dE}{dt} &= \beta SI + (1 - \delta)\beta VI - \gamma E - \mu E \\
\frac{dI}{dt} &= \gamma E - \psi I - \varepsilon_2 I - \mu I \\
\frac{dT}{dt} &= \psi I - \varepsilon_1 T - \mu T \\
\frac{dR}{dt} &= \varepsilon_2 I + \varepsilon_1 T - \eta R - \mu R
\end{aligned} \tag{4.1}$$

4.3 Titik Keseimbangan

Titik ekuilibrium berdasarkan persamaan 4.1 terdapat 2 titik keseimbangan yaitu titik keseimbangan non endemik dan titik keseimbangan endemik.

Titik keseimbangan non endemik merupakan kondisi ketika setiap kompartemen dalam model tidak mengalami perubahan terhadap waktu, yaitu ketika laju perubahan seluruh variabel sama dengan nol. Dalam konteks model SVEITR untuk penyakit varicella, titik ekuilibrium dapat diperoleh dengan menyamakan turunan waktu dari setiap kompartemen terhadap nol. Sistem persamaan diferensial (4.1) yang digunakan adalah sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = \frac{dV}{dt} = \frac{dE}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dT}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$$

Nilai setiap parameter positif sehingga persamaan 4.1 dapat ditulis dengan:

$$A + \delta V + \eta R - \alpha S - \beta SI - \mu S = 0 \tag{4.2}$$

$$\alpha S - (1 - \delta)\beta VI - \delta V - \mu V = 0 \tag{4.3}$$

$$\beta SI + (1 - \delta)\beta VI - \gamma E - \mu E = 0 \tag{4.4}$$

$$\gamma E - \psi I - \varepsilon_2 I - \mu I = 0 \quad (4.5)$$

$$\psi I - \varepsilon_1 T - \mu T = 0 \quad (4.6)$$

$$\varepsilon_2 I + \varepsilon_1 T - \eta R - \mu R = 0 \quad (4.7)$$

Model tersebut selanjutnya dianalisis kondisi ketika model berada dalam keadaan setimbang, yaitu ketika kondisi di mana laju perubahan setiap subpopulasi terhadap waktu bernilai nol, yang mengindikasikan tidak adanya dinamika populasi seiring waktu. Dalam konteks ini, yang dimaksud adalah keadaan setimbang bebas varicella, yaitu ketika seluruh individu yang terinfeksi telah sembuh dan tidak terdapat lagi kasus infeksi aktif di dalam populasi, dengan syarat $I = 0$. Berdasarkan syarat tersebut, maka dapat diturunkan bentuk titik ekuilibrium bebas penyakit dari sistem persamaan 4.2 seperti berikut:

$$A + \delta V + \eta R - \alpha S - \beta SI - \mu S = 0$$

$$A + \delta V + \eta R - (\alpha + \beta I + \mu)S = 0$$

Substitusi $I = 0$ ke persamaan 4.2 sehingga diperoleh:

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{A + \delta V + \eta R}{\alpha + \beta I + \mu} \\ S^* &= \frac{A + \delta V}{\alpha + \mu} \end{aligned} \quad (4.9)$$

Dari persamaan 4.3 diperoleh:

$$\begin{aligned} \alpha S - (1 - \delta)\beta V - \delta V - \mu V &= 0 \\ \alpha S - ((1 - \delta)\beta + \delta + \mu)V &= 0 \\ V^* &= \frac{\alpha S}{(1 - \delta)\beta + \delta + \mu} \end{aligned} \quad (4.10)$$

Substitusi persamaan 4.9 ke persamaan 4.10 diperoleh:

$$S^* = \frac{A(\delta + \mu)}{\mu(\alpha + \delta + \mu)} \quad (4.11)$$

$$V^* = \frac{A\alpha}{\mu(\alpha + \delta + \mu)} \quad (4.12)$$

Solusi titik kesetimbangan dalam model penyebaran penyakit *varicella* pada penelitian ini sebagai berikut:

$$DFE(S, V, E, I, T, R) = \left(\begin{array}{l} S^* = \frac{A(\delta + \mu)}{\mu(\alpha + \delta + \mu)}, \\ V^* = \frac{A\alpha}{\mu(\alpha + \delta + \mu)}, E = 0, I = 0, T = 0, R = 0 \end{array} \right)$$

Pada titik kesetimbangan non-endemik (*DFE*), diasumsikan tidak ada individu yang terinfeksi ($I = 0$), sehingga hanya nilai populasi rentan dan vaksinasi yang digunakan, yaitu $S = S^*$ dan $V = V^*$

Titik kesetimbangan endemik terjadi ketika terdapat persebaran penyakit di dalam populasi di suatu wilayah pada model persebaran penyakit cacar air *varicella* titik kesetimbangan endemik terjadi pada saat $E \neq 0, I \neq 0, T \neq 0, R \neq 0$ dengan mensubstitusikan nilai nilai tersebut diperoleh titik setimbang penyebaran penyakit sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = A + \delta V + \eta R - \alpha S - \beta SI - \mu S$$

$$\Leftrightarrow A + \delta V + \eta R - \alpha S - \beta SI - \mu S = 0$$

$$\Leftrightarrow A + \delta V + \eta R - (\alpha + \beta I + \mu)S = 0$$

$$S^* = \frac{A + \delta V^* + \eta R^*}{\alpha + \beta I^* + \mu} \quad (4.13)$$

$$V^* = \frac{\alpha S^*}{(1 - \delta)\beta + \delta + \mu} \quad (4.14)$$

$$E^* = \frac{\beta S^* I^* + (1 - \delta) \beta V^*}{\gamma + \mu} \quad (4.15)$$

$$I^* = \frac{\gamma E^*}{1 + \mu} \quad (4.16)$$

$$T^* = \frac{(1 - \psi) I^*}{\varepsilon + \mu} \quad (4.17)$$

$$R^* = \frac{\psi I^* + \varepsilon T^*}{\eta + \mu} \quad (4.18)$$

4.4 Analisis Kestabilan

Analisis kestabilan merupakan salah satu pendekatan penting dalam studi dinamika sistem epidemiologi, karena memungkinkan untuk menentukan apakah suatu titik keseimbangan bersifat stabil atau tidak terhadap gangguan kecil di sekitarnya. Dalam konteks pemodelan varicella dengan pendekatan SVEITR, analisis kestabilan digunakan untuk mengevaluasi perilaku sistem ketika berada pada titik keseimbangan bebas penyakit maupun titik keseimbangan endemik. Titik keseimbangan dikatakan stabil jika solusi dari sistem diferensial akan tetap berada di sekitar titik tersebut atau kembali ke titik tersebut setelah mengalami sedikit gangguan. Dalam bagian ini, akan dilakukan penurunan bentuk linear dari sistem dengan menggunakan matriks *jacobian* seperti berikut:

$$J = \begin{pmatrix} -\alpha - \mu & \delta & 0 & -\beta S^* & 0 & \eta \\ \alpha & -\delta - \mu & 0 & -(1 - \delta) \beta V^* & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\gamma - \mu & \beta S^* + (1 - \delta) \beta V^* & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu - \psi - \varepsilon_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \psi & -\varepsilon_1 - \mu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon_2 & \varepsilon_1 & -\eta - \mu \end{pmatrix}$$

Dengan S^* adalah persamaan 4.11 dan V^* adalah persamaan 4.12.

Matriks *jacobian* J di atas selanjutnya ditentukan nilai karakteristik dan dianalisis lebih lanjut untuk menentukan sifat kestabilan dari model yang telah dibangun, sehingga diperoleh nilai eigen tersebut adalah

$$\begin{aligned}\lambda_1 &= -\alpha - \delta - \mu & \lambda_2 &= -\varepsilon_1 - \mu \\ \lambda_3 &= -\eta - \mu & \lambda_4 &= -\mu\end{aligned}$$

Sedangkan λ_5 dan λ_6 berupa nilai eigen yang sangat kompleks sehingga dihitung nilai numeriknya saja, yaitu:

$$\lambda_5 = -0.039286940 \text{ dan } \lambda_6 = -0.188977242$$

Berdasarkan nilai eigen di atas didapat bahwa nilai eigennya negatif maka titik kesetimbangan non edemik di katakan stabil. Jika $R_0 < 1$, maka setiap individu terinfeksi menghasilkan kurang dari satu kasus baru secara rata-rata. Akibatnya, infeksi tidak mampu menyebar secara berkelanjutan, dan sistem akan menuju ke titik kesetimbangan non-endemik dan akan dikatakan stabil.

Tabel 4. 1 Nilai Parameter

variabel	Value	sumber
A	9	Phuket Provincial Public Health Office(2021)
α	0.00504	Phuket Provincial Public Health Office(2021)
δ	0.03423	Phuket Provincial Public Health Office(2021)
β	0.000010778	Phuket Provincial Public Health Office(2021)
γ	0.00242	Phuket Provincial Public Health Office(2021)
ψ	0.075	San Martin (2023)
ε_1	0.037	San Martin (2023)
ε_2	0,04	San Martin (2023)
η	0.000429	Phuket Provincial Public Health Office(2021)

μ	0.00001694	Phuket Provincial Public Health Office(2021)
-------	------------	--

Sumber : diolah oleh peneliti

4.5 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar R_0 merupakan indikator penting dalam menentukan potensi penyebaran suatu penyakit menular. Nilai ini diperoleh dengan menghitung nilai eigen dominan (maksimum) dari matriks generasi yang dikonstruksi berdasarkan model. Matriks Jacobian yang digunakan dalam perhitungan ini dibentuk dari sistem persamaan diferensial yang menggambarkan laju infeksi baru dan perubahan status individu dalam populasi pada kompartemen yang terinfeksi, yaitu E, I, T . Dengan pendekatan ini, diperoleh bentuk matriks Jacobian sebagai berikut:

$$J_{EIT} = \begin{pmatrix} -\gamma - \mu & \beta S + (1 - \delta)\beta V & 0 \\ \gamma & -\mu - \psi - \varepsilon_2 & 0 \\ 0 & \psi & -\mu - \varepsilon_1 \end{pmatrix}$$

Bilangan reproduksi dasar (R_0) selanjutnya didapatkan dengan membangun sebuah matriks yang di sebut *Next Matrix Generation* (NGM), dengan sistem persamaan jacobian diatas untuk membentuk NGM yang kemudian akan di definisikan matriks F sebagai infeksi baru yang muncul dan juga V sebagai bagian dari perpindahan antara kompartement infeksius.

Matriks F dibentuk dari laju infeksi baru yang masuk ke dalam kompartemen yang berperan dalam penyebaran penyakit, dalam hal ini kompartemen E (terpapar). Maka total laju infeksi baru yang masuk ke kompartemen E dirumuskan sebagai:

$$F = \beta SI + (1 - \delta)\beta VI$$

Membentuk matriks F , dihitung turunan parsial dari F_E terhadap kompartemen yang berkontribusi dalam penularan, yaitu E dan I . Dengan

menghitung turunan parsial tersebut, diperoleh bentuk matriks F sebagai berikut:

$$F(x) = \begin{pmatrix} \beta SI + (1 - \delta)\beta V \\ 0 \end{pmatrix}$$

Diturunkan terhadap (E, I) :

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial E} & \frac{\partial F_1}{\partial I} & \frac{\partial F_1}{\partial T} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & \beta S + (1 - \delta)\beta V & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Baris pertama berasal dari turunan F terhadap I , sedangkan baris lainnya bernilai nol karena tidak ada infeksi baru yang secara langsung berasal dari kompartemen I dan E .

Matriks V , Matriks ini menggambarkan laju perpindahan individu antar kompartemen infeksius, selain infeksi baru. Dalam hal ini, kompartemen yang diperhatikan adalah E (terpapar), I (infeksius), dan T (pengobatan).

Rumus umum untuk $V(x)$ adalah:

$$V(x) = \text{laju keluar} - \text{laju masuk}$$

Langkah selanjutnya adalah mengambil turunan parsial dari fungsi $V(x)$ terhadap variabel E, I , dan T , yaitu:

$$V = \begin{pmatrix} \frac{\partial V_1}{\partial E} & \frac{\partial V_1}{\partial I} & \frac{\partial V_1}{\partial T} \\ \frac{\partial V_2}{\partial E} & \frac{\partial V_2}{\partial I} & \frac{\partial V_2}{\partial T} \\ \frac{\partial V_3}{\partial E} & \frac{\partial V_3}{\partial I} & \frac{\partial V_3}{\partial T} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \gamma + \mu & 0 & 0 \\ -\gamma & \mu + \psi + \varepsilon_2 & 0 \\ 0 & -\psi & \mu + \varepsilon_1 \end{pmatrix}$$

Matriks V ini nantinya akan digunakan bersama dengan matriks F untuk menghitung bilangan reproduksi dasar R_0 melalui rumus:

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

R_0 dicari dengan rumus di atas, maka dihitung terlebih dahulu nilai V invers, didapatkan:

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma + \mu} & 0 & 0 \\ \frac{\gamma}{(\gamma + \mu)(\mu + \psi + \varepsilon_2)} & \frac{1}{\mu + \psi + \varepsilon_2} & 0 \\ 0 & \frac{\psi}{(\mu + \psi + \varepsilon_2)(\mu + \varepsilon_1)} & \frac{1}{\mu + \varepsilon_1} \end{pmatrix}$$

$$K = FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{c\gamma}{(\gamma + \mu)(\mu + \psi + \varepsilon_2)} & \frac{c}{\mu + \psi + \varepsilon_2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Dengan $c = \beta SI + (1 - \delta)\beta V$

Hasil akhir R_0 kita bisa dapatkan

$R_0 = \rho(K) = \text{eigenvalue terbesar dari } K$

$$R_0 = \frac{\gamma\beta A[(\delta + \mu) + (1 - \delta)\alpha]}{\mu(\alpha + \delta + \mu)(\gamma + \mu)(\psi + \varepsilon_2 + \mu)}$$

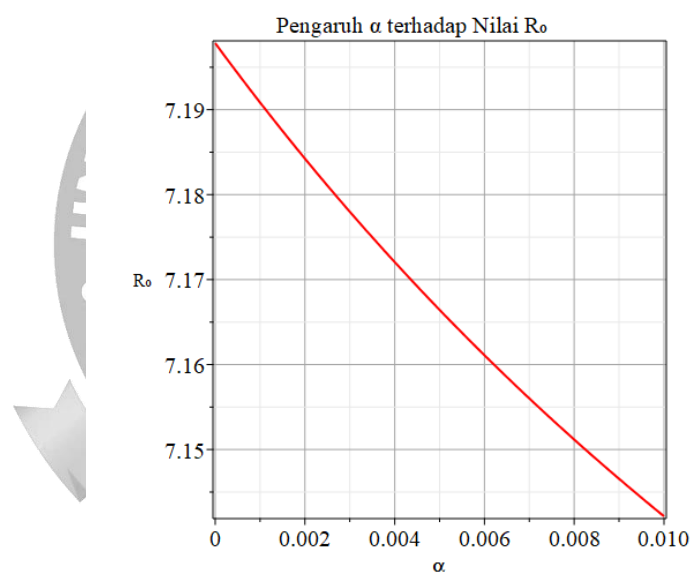
$$R_0 = 2.89$$

Hasil perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 secara numerik menunjukkan nilai sebesar 2.89. Nilai ini jauh lebih besar dari satu, yang menandakan bahwa penyakit *Varicella* bersifat sangat menular, di mana satu individu terinfeksi dapat menularkan penyakit ke tiga orang lainnya di dalam populasi yang sepenuhnya rentan. Dalam konteks pemodelan epidemiologi, nilai R_0 menunjukkan bahwa penyakit memiliki potensi untuk menyebar secara luas di masyarakat yang menandakan bahwa penyakit ini bersifat endemik.

4.6 Analisis Sensitivitas

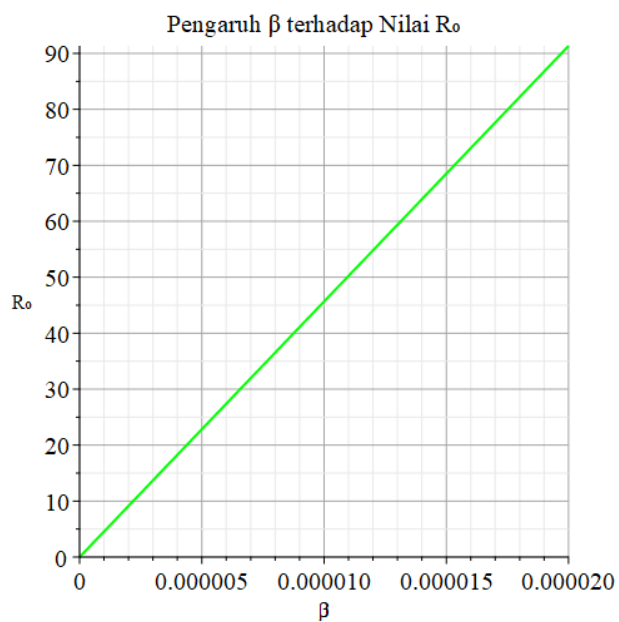
Analisis sensitivitas merupakan suatu pendekatan matematis yang digunakan untuk mengetahui seberapa besar pengaruh perubahan suatu parameter terhadap bilangan reproduksi dasar suatu model epidemiologi,

yang menjadi indikator utama dalam menentukan potensi penyebaran suatu penyakit. Strategi pengendalian penyakit dapat difokuskan pada aspek-aspek yang paling efektif dengan mengetahui sensitivitas masing-masing parameter terhadap R_0 , seperti peningkatan tingkat vaksinasi atau penurunan laju kontak infeksius. Analisis sensitivitas dilakukan terhadap model SVEITR yang telah dikembangkan untuk mempelajari dinamika penyebaran penyakit, sehingga dapat memberikan gambaran yang lebih jelas mengenai parameter-parameter kunci yang berperan dalam pengendalian epidemi berdasarkan nilai R_0 yang diperoleh sebagai berikut:



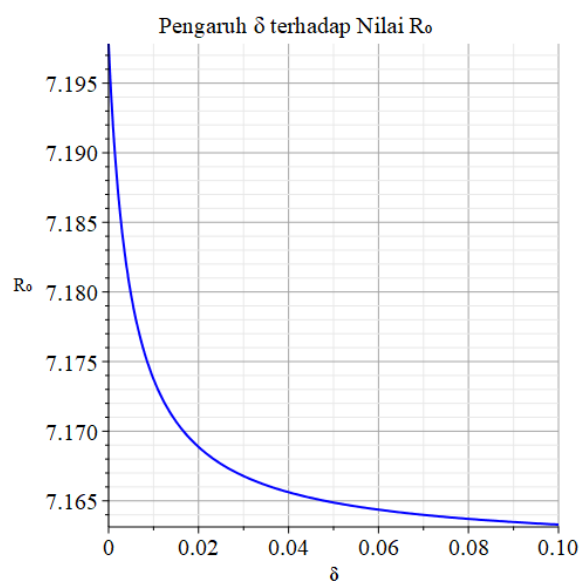
Gambar 4. 2 Grafik R_0 terhadap Parameter α

Sumber : diolah oleh peneliti



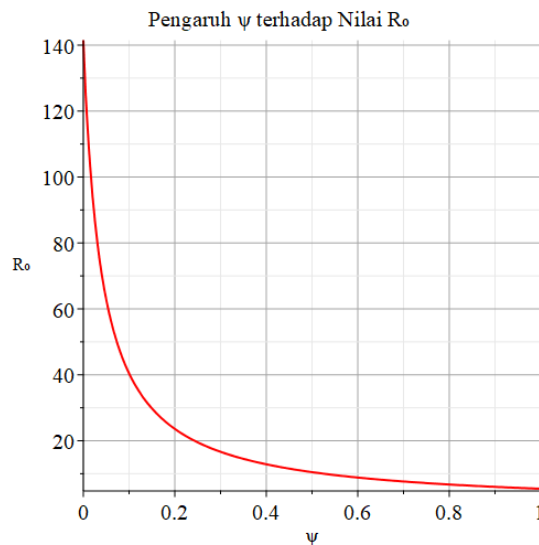
Gambar 4. 3 Grafik R_0 terhadap Parameter β

Sumber : diolah oleh peneliti



Gambar 4. 4 Grafik R_0 terhadap Parameter δ

Sumber : diolah oleh peneliti



Gambar 4. 5 Grafik R_0 terhadap Parameter ψ

Sumber : diolah oleh peneliti

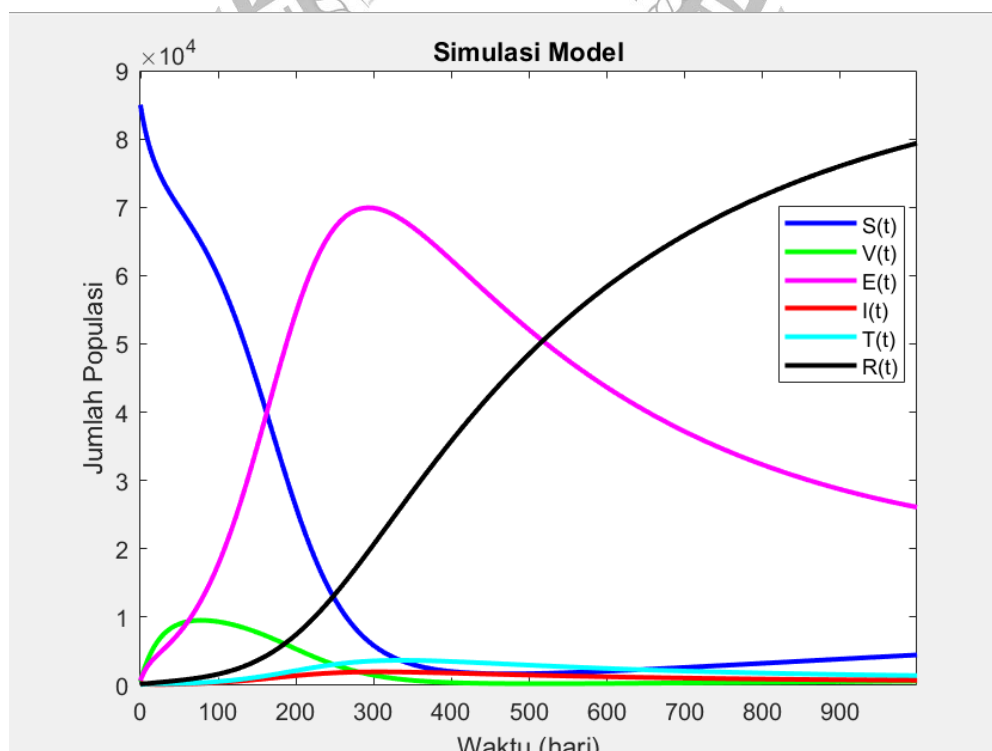
Gambar 4.2, grafik tersebut menunjukkan pengaruh parameter α terhadap nilai bilangan reproduksi dasar R_0 dalam model yang dianalisis. Terlihat bahwa seiring dengan peningkatan nilai α dari 0 hingga 0.01, nilai R_0 mengalami penurunan secara perlahan namun konsisten. Hal ini menunjukkan bahwa parameter α , yang merepresentasikan laju vaksinasi atau perlindungan terhadap infeksi, memiliki peran signifikan dalam mengurangi potensi penyebaran penyakit, yaitu semakin besar nilai α , semakin kecil nilai R_0 , yang berarti penyebaran penyakit menjadi lebih terkendali. Gambar 4.3 menunjukkan bahwa nilai R_0 meningkat secara linier seiring dengan kenaikan parameter β , yang merepresentasikan laju penularan penyakit. Semakin besar nilai β , semakin tinggi pula nilai R_0 , yang berarti potensi penyebaran penyakit semakin besar. Hubungan ini menandakan bahwa pengendalian terhadap laju penularan sangat penting untuk menurunkan nilai R_0 dan mencegah meluasnya wabah, seperti melalui pembatasan kontak atau intervensi kesehatan masyarakat.

Gambar 4.4, Grafik menunjukkan bahwa nilai R_0 menurun secara tajam saat parameter δ merepresentasikan laju individu yang telah divaksin namun tetap terinfeksi meningkat dari 0 hingga 0.1. Penurunan ini bersifat non-linear, dengan penurunan paling signifikan terjadi pada nilai δ yang rendah kemudian melandai seiring bertambahnya δ . Hal ini mengindikasikan bahwa semakin banyak individu yang tetap terinfeksi meskipun telah divaksin, maka efektivitas vaksin dalam menekan

penyebaran penyakit menurun, sehingga menyebabkan R_0 lebih sulit ditekan, namun meskipun begitu, nilai R_0 tetap mengalami penurunan, yang menunjukkan bahwa mekanisme lain dalam model masih berkontribusi dalam mengendalikan penyebaran penyakit. Grafik pengaruh parameter ψ terhadap R_0 pada gambar 4.5 sama menunjukkan Gerakan pengaruh parameter ψ sama dengan pengaruh δ terhadap R_0 . Artinya, semakin cepat individu yang terinfeksi mendapatkan pengobatan, maka semakin rendah potensi penularan penyakit dalam populasi. Hal ini menunjukkan bahwa peningkatan akses dan kecepatan pengobatan bagi individu yang terinfeksi merupakan strategi yang sangat efektif dalam menekan bilangan reproduksi dasar R_0 dan mengendalikan penyebaran penyakit.

4.7 Simulasi Numerik

Simulasi model SVEITR seperti pada gambar 4.6 diberikan kondisi awal $S(0)=85.000$, $V(0)=573$, $E(0)=700$, $I(0)=350$, $T(0)=100$, $R(0)=200$, grafik menunjukkan dinamika penyebaran penyakit dalam populasi selama 1.000 hari.



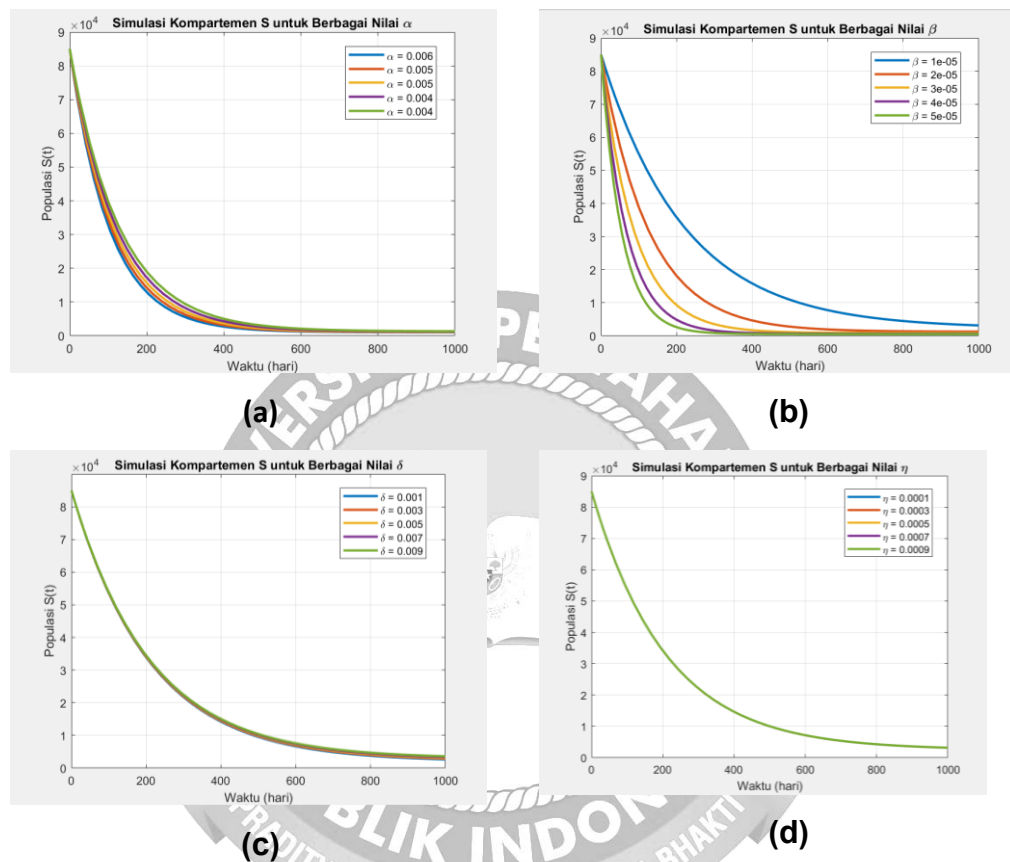
Gambar 4. 6 Dinamika Populasi Penyebaran Penyakit Varicella terhadap Waktu

Sumber : diolah oleh peneliti

Jumlah individu rentan (S) pada awalnya sangat tinggi dan menurun drastis akibat infeksi dan vaksinasi, lalu sedikit meningkat kembali setelah sekitar hari ke-400 dikarenakan transisi populasi sembuh dapat kembali menjadi populasi rentan. Populasi tervaksinasi (V) mengalami kenaikan awal hingga puncak sekitar hari ke-100, lalu menurun secara perlahan, menandakan bahwa sebagian besar populasi tervaksin telah berpindah menjadi populasi terpapar, terinfeksi, atau sembuh. Populasi terpapar (E) mengalami lonjakan besar hingga puncak sekitar hari ke-250, menunjukkan bahwa infeksi menyebar cepat pada fase awal sebelum akhirnya menurun seiring pengobatan dan pemulihan. Populasi terinfeksi (I) dan yang menjalani pengobatan (T) relatif kecil dibandingkan populasi lainnya, namun menunjukkan adanya kasus aktif yang bertahan dalam jangka waktu cukup lama. Sementara itu, populasi sembuh (R) terus meningkat secara signifikan hingga mendominasi keseluruhan populasi pada akhir simulasi, mencerminkan keberhasilan penanganan penyakit. Secara keseluruhan, model menunjukkan bahwa intervensi seperti vaksinasi dan pengobatan mampu menekan penyebaran penyakit dan mendorong pemulihan mayoritas populasi.

Kekuatan model untuk setiap kompartemen dapat dilihat dari perubahan parameter laju yang mempengaruhi model pada masing-masing kompartemen, maka peneliti melakukan simulasi data terhadap data awal laju dengan mengambil beberapa variasi parameter yang mendekati data aslinya seperti pada gambar 4.7 sampai 4.11 sebagai berikut:

1. Kompartemen *susceptible*

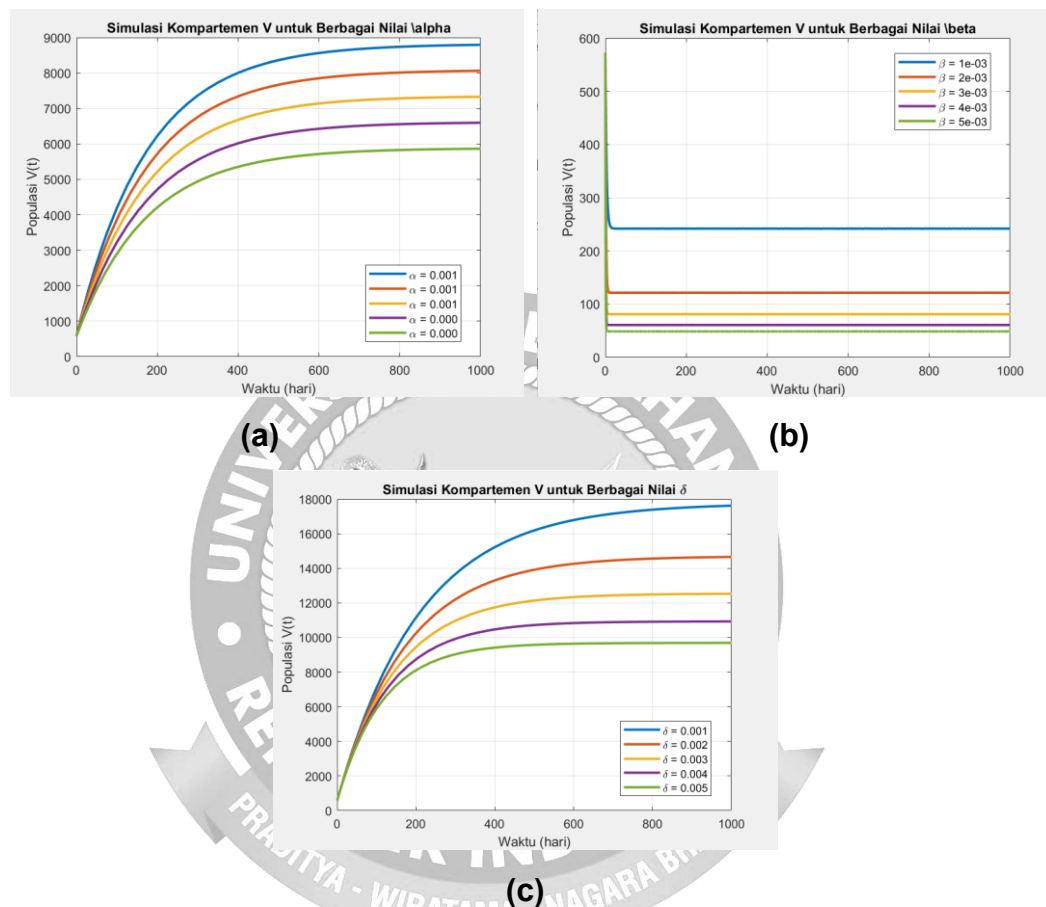


Gambar 4. 7 Simulasi Kompartemen *Susceptible* terhadap Parameter (a). α (b). β (c). δ (d). η

Sumber : diolah oleh peneliti

Gambar 4.7 menunjukkan pengaruh parameter α, β, δ , dan η terhadap dinamika populasi rentan $S(t)$ dalam model SVEITR varicella. Nilai α (tingkat vaksinasi) dan β (laju penularan) berpengaruh signifikan terhadap laju penurunan $S(t)$, semakin tinggi α , populasi rentan menurun lebih cepat karena lebih banyak individu divaksinasi, sedangkan peningkatan β juga mempercepat penurunan $S(t)$ akibat peningkatan penularan. Sebaliknya, perubahan nilai δ (tingkat kegagalan vaksin) dan η hampir tidak memengaruhi kurva $S(t)$ yang menunjukkan bahwa kedua parameter ini berdampak kecil terhadap jumlah individu rentan dalam jangka waktu simulasi.

2. Kompartemen *vaccined*



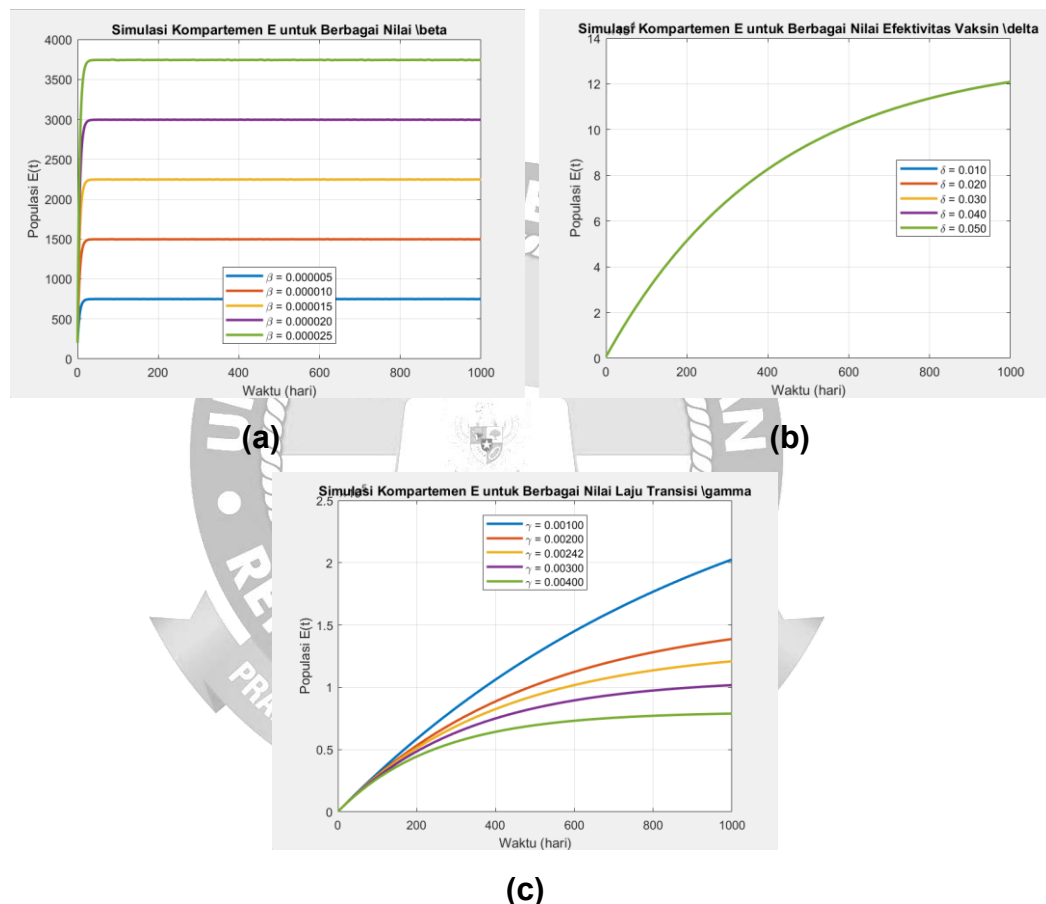
Gambar 4. 8 Simulasi Kompartemen *Vaccined* terhadap Parameter (a). α (b). β (c). δ

Sumber : diolah oleh peneliti

Gambar 4.8 menunjukkan dinamika populasi divaksinasi $V(t)$ terhadap variasi parameter α , β , dan δ dalam model SVEITR. Subgrafik (a) memperlihatkan bahwa peningkatan α secara signifikan menaikkan jumlah individu divaksinasi seiring waktu, mencerminkan efektivitas vaksinasi dalam memperbesar cakupan imunisasi. Subgrafik (b) menunjukkan bahwa peningkatan β justru menurunkan populasi $V(t)$, karena individu yang telah divaksinasi lebih cepat terpapar infeksi akibat tingginya risiko penularan, sehingga mereka keluar dari kelas V. Pada subgrafik (c), peningkatan δ (tingkat kegagalan vaksin) menyebabkan penurunan jumlah populasi

divaksinasi dalam jangka panjang karena lebih banyak individu yang kehilangan perlindungan dari vaksin.

3. Kompartemen *exposed*



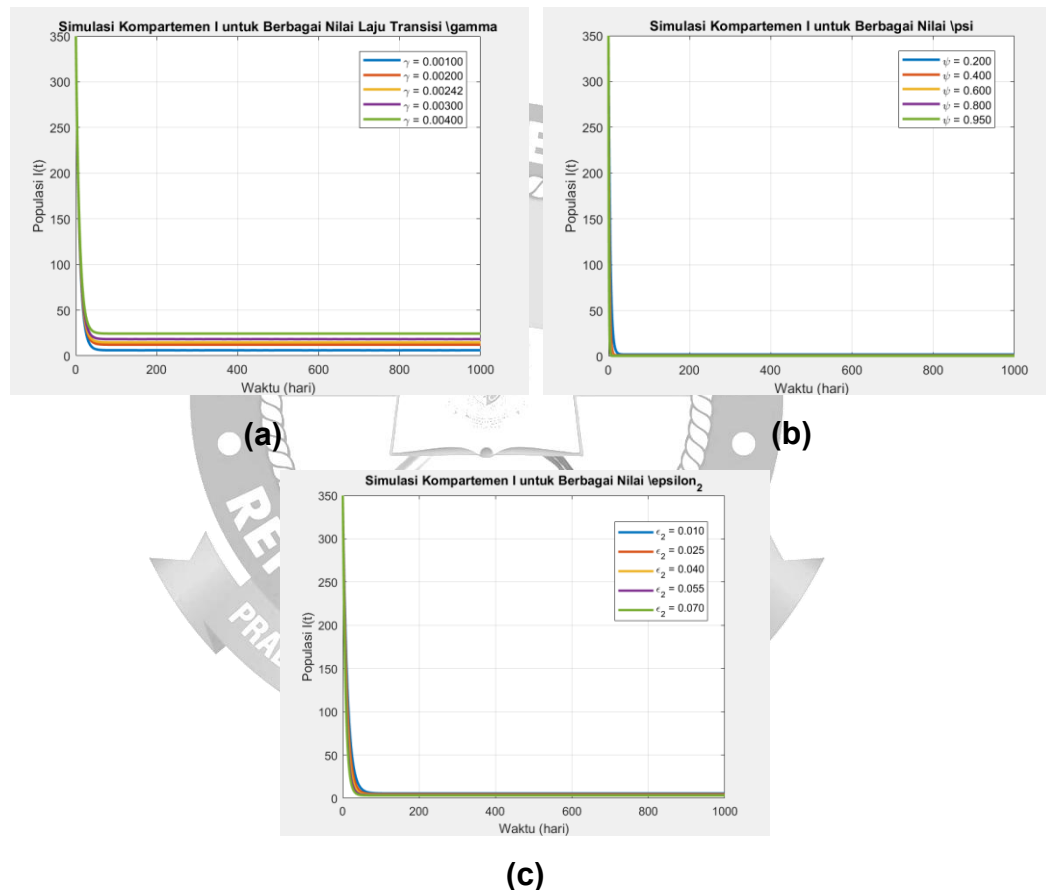
Gambar 4. 9 Simulasi Kompartemen *Exposed* terhadap Parameter (a). β (b). δ (c). γ

Sumber : diolah oleh peneliti

Gambar 4.9 menunjukkan dinamika populasi terpapar $E(t)$ terhadap variasi parameter β , δ , dan γ (laju transisi dari E ke I) dalam model SVEITR. Subgrafik (a), peningkatan nilai β menghasilkan peningkatan signifikan pada jumlah individu yang terpapar, menandakan bahwa semakin tinggi laju penularan, semakin besar jumlah populasi yang masuk ke kelas E. Subgrafik (b) menunjukkan bahwa peningkatan efektivitas vaksin menurunkan populasi E secara drastis, artinya vaksin yang lebih efektif mampu mengurangi risiko paparan infeksi. Pada subgrafik (c), peningkatan

γ menyebabkan populasi E menurun karena individu yang terpapar lebih cepat berpindah ke kelas infeksius, sehingga waktu mereka berada di kelas E lebih singkat.

4. Kompartemen *infected*



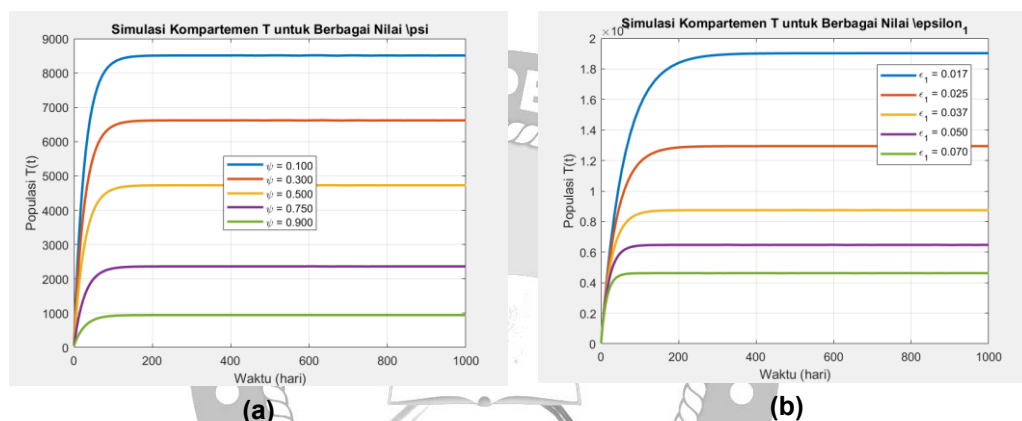
Gambar 4. 10 Simulasi Kompartemen *Infected* terhadap Parameter (a). γ (b). ψ (c). ϵ_2

Sumber : diolah oleh peneliti

Gambar 4.10 menunjukkan dinamika kompartemen infeksius $I(t)$ terhadap variasi parameter γ , ψ , dan ϵ_2 . Peningkatan laju transisi γ dari terpapar E ke infeksius menyebabkan populasi I meningkat lebih cepat di awal menandakan bahwa γ mempengaruhi seberapa cepat individu masuk ke fase infeksius namun tidak mengubah nilai akhir yang signifikan. Subgrafik (b) menunjukkan bahwa perubahan nilai ψ tidak berdampak signifikan terhadap jumlah akhir populasi I, karena semua kurva cenderung

konvergen cepat ke nilai yang sangat kecil. Variasi laju transisi ε_2 dari kompartemen T ke R juga menunjukkan efek minimal terhadap $I(t)$, yang mengindikasikan bahwa perubahan transisi pada jalur setelah I tidak berpengaruh besar terhadap populasi infeksius itu sendiri.

5. Kompartemen *treated*



Gambar 4. 11 Simulasi Kompartemen *Treated* terhadap Parameter (a). ψ (b). ε_1

Sumber : diolah oleh peneliti

Gambar 4.11 menunjukkan simulasi populasi pada kompartemen $T(t)$ terhadap variasi parameter ψ dan ε_1 . Subgrafik (a), peningkatan nilai ψ menghasilkan penurunan jumlah populasi pada kompartemen T. Hal ini logis karena semakin banyak individu yang langsung pulih tanpa melewati fase perawatan akan mengurangi beban pada kompartemen T. Sebaliknya, pada subgrafik (b), peningkatan nilai ε_1 secara signifikan meningkatkan jumlah populasi pada $T(t)$. Semakin tinggi ε_1 , semakin banyak individu yang dipindahkan dari I ke T, sehingga menyebabkan akumulasi yang lebih besar pada kompartemen tersebut.

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Kesimpulan dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Pemodelan matematika epidemiologi penyebaran penyakit *varicella* dikembangkan dari model-model sebelumnya yaitu pada gambar 3.1 dan 3.2 menjadi gambar 4.1. Model sebelumnya menggunakan model SEITR dan SVEIR dimana pada penelitian ini dikembangkan menjadi model SVEITR, yang terbagi menjadi 6 kompartemen, *Susceptible* (S), *Vaccinated* (V), *Exposed* (E), *Infected* (I), *Treated* (T), *Recovered* (R) dan membentuk suatu persamaan diferensial seperti pada persamaan 4.1.
2. Hasil perhitungan bilangan reproduksi dasar R_0 secara numerik menunjukkan nilai sebesar 2.89. Nilai ini jauh lebih besar dari satu, yang menandakan bahwa penyakit *Varicella* bersifat menular, di mana satu individu terinfeksi dapat menularkan penyakit ke tiga orang lainnya di dalam populasi yang sepenuhnya rentan. Dalam konteks pemodelan epidemiologi, nilai R_0 menunjukkan bahwa penyakit memiliki potensi untuk menyebar secara luas di masyarakat yang menandakan bahwa penyakit ini bersifat endemik. Simulasi model SVEITR seperti pada gambar 4.6 diberikan kondisi awal $S(0)=85.000$, $V(0)=573$, $E(0)=700$, $I(0)=350$, $T(0)=100$, $R(0)=200$ yang menunjukkan dinamika penyebaran penyakit dalam populasi selama 1.000 hari. Model menunjukkan bahwa intervensi seperti vaksinasi dan pengobatan mampu menekan penyebaran penyakit dan mendorong pemulihan mayoritas populasi seperti pada gambar 4.8 dan dijelaskan pada analisis sensitivitas dari parameter α dan δ pada gambar 4.2 dan 4.4.

5.2 Saran

1. Disarankan agar model dikembangkan lebih lanjut dengan menambahkan kompartemen dan asumsi baru agar mampu menggambarkan kompleksitas dinamika penularan varicella secara lebih komprehensif
2. Meninjau lebih lanjut mengenai bilangan reproduksi dasar R_0 dengan upacaya intervensi baru dengan tujuan mencapai nilai $R_0 < 1$ sehingga penyakit dapat dinyatakan sebagai non endemik.



DAFTAR PUSTAKA

- Almutairi, D. K., Abdoon, M. A., Berir, M., Saadeh, R., & Qazza, A. (2023). A Numerical Confirmation of a Fractional SEITR for Influenza Model Efficiency. *Applied Mathematics and Information Sciences*, 17(5), 741–745. <https://doi.org/10.18576/amis/170502>
- Andina, N. N. (2023). Pemodelan Matematika untuk Prediksi Penyebaran Penyakit Infeksi pada Populasi Menggunakan Pendekatan Jaringan Saraf Tiruan. *Jurnal Dunia Ilmu*, 27(3), 150–155.
- Aulia, U., Widayani, H., & Kusumastuti, A. (2023). Analisis Dinamik Model Infeksi Mikrobakterium Tuberkulosis Dengan Dua Lokasi Pengobatan. *Jurnal Riset Mahasiswa Matematika*. <https://doi.org/10.18860/jrmm.v2i3.16753>
- Capasso, V., & Serio, G. (1978). A generalization of the Kermack-McKendrick deterministic epidemic model. *Mathematical Biosciences*, 42(1–2), 43–61. [https://doi.org/10.1016/0025-5564\(78\)90006-8](https://doi.org/10.1016/0025-5564(78)90006-8)
- Chen, L., Zhang, X., & Li, Y. (2020). Jacobian matrix in stability analysis of nonlinear dynamical systems. *Nonlinear Analysis: Real World Applications*, 51, 142–158. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.nonrwa.2020.04.007>
- Cheng, T., Bai, Y., Sun, X., Ji, Y., Zhang, F., & Li, X. (2022). Epidemiological analysis of varicella in Dalian from 2009 to 2019 and application of three kinds of model in prediction prevalence of varicella. *BMC Public Health*, 22(678), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12889-022-12898-3>
- Dharmaratne, S., Sudaraka, S., Abeyagunawardena, I., Manchanayake, K., Kothalawala, M., & Gunathunga, W. (2020). Estimation of the basic reproduction number (R_0) for the novel coronavirus disease in Sri Lanka. *Virology Journal*, 17(144), 191–196. <https://doi.org/10.1186/s12985-020-01411-0>

- El Hajji, M., & Albargi, A. H. (2022). A mathematical investigation of an “SVEIR” epidemic model for the measles transmission. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 19(3), 853–2875. <https://doi.org/10.3934/mbe.2022131>
- Gershon, A. A., Breuer, J., Cohen, J. I., Cohrs, R. J., Gershon, M. D., Gilden, D., Grose, C., Hambleton, S., Kennedy, P. G. E., Oxman, M. N., Seward, J. F., & Yamanishi, K. (2015). Varicella zoster virus infection. *Nature Reviews Disease Primers*, 512(1), 15016. <https://doi.org/10.1038/nrdp.2015.16>
- Gershon, A. A., & Silverstein, S. J. (2022). Varicella-zoster virus. In *Clinical Virology: Third Edition* (pp. 451–474). <https://doi.org/10.1128/9781555815981.ch21>
- Gomes, R., Mota, E., & Silva, F. (2022). Eigenvalue analysis in nonlinear dynamic systems and its applications. *Journal of Nonlinear Dynamics*, 67(3), 431–445. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jnd.2022.05.021>
- Hao, B., Chen, Z., Zeng, G., Huang, L., Luan, C., Xie, Z., Chen, J., Bao, M., Tian, X., Xu, B., Wang, Y., Wu, J., Xia, S., Yuan, L., & Huang, J. (2019). Efficacy, safety and immunogenicity of live attenuated varicella vaccine in healthy children in China: double-blind, randomized, placebo-controlled clinical trial. *Clinical Microbiology and Infection*, 2(8), 1026–1031. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2018.12.033>
- Hernández-Vargas, E. A., Soto-Carrasco, D., & García, A. R. (2020). Modelling the impact of vaccination on the spread of infectious diseases: The SVEIR model. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 17(5), 3421–3438. <https://doi.org/https://doi.org/10.3934/mbe.2020.3421>
- Huang, J., Yu, Z., & Xu, D. (2019). Practical applications of Jacobian matrices in nonlinear differential equations. *Applied Mathematical*

Modelling, 69, 243–256.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.apm.2019.01.048>

Irwan, M., Wahidah Alwi, & Susrianti. (2022). Simulasi Model Svir (Susceptible, Vaccinated, Infected, Recovered) Pada Kasus Covid-19. *Jurnal Msa (Matematika Dan Statistika Serta Aplikasinya)*, 10(2), 104–108. <https://doi.org/10.24252/msa.v10i2.33657>

Izzati, N., & Andriani, A. (2021). Kendali Optimal Pada Model Penyebaran Penyakit Difteri dengan Tingkat Imunitas Alami Pada Individu Terpapar. *JURNAL ILMIAH MATEMATIKA DAN TERAPAN*, 18(1), 1–10. <https://doi.org/10.22487/2540766x.2021.v18.i1.15339>

Jannah, M., Ahsar Karim, M., & Yulida, Y. (2021). Analisis Kestabilan Model Seir Untuk Penyebaran Covid-19 Dengan Parameter Vaksinasi. *Barekeng: Jurnal Ilmu Matematika Dan Terapan*, 15(3), 532–542. <https://doi.org/10.30598/barekengvol15iss3pp535-542>

Jian-peng, D., Hang, L., Xiao-Ling, P., Chao-Ni, Z., Tian-Huai, Y., & Xian-Min, J. (2019). Research progress of quantum memory. *Acta Physica Sinica*, 3(1), 11. <https://doi.org/10.7498/APS.68.20190039>

Jose, S. A., Raja, R., Dianavinnarasi, J., Baleanu, D., & Jirawattanapanit, A. (2023). Mathematical modeling of chickenpox in Phuket: Efficacy of precautionary measures and bifurcation analysis. *Biomedical Signal Processing and Control*, 84(February), 104714. <https://doi.org/10.1016/j.bspc.2023.104714>

Kaus, M., Wang, J., & Guo, Y. (2017). The use of differential equations in dynamics. *International Journal of Mathematical Sciences*, 23(4), 125–139. <https://doi.org/https://doi.org/10.1234/ijms.2017.02304>

Laemmle, L., Goldstein, R. S., & Kinchington, P. R. (2019). Modeling Varicella Zoster Virus Persistence and Reactivation – Closer to Resolving a Perplexing Persistent State. *Frontiers in Microbiology*,

- 10(2019), 1634. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01634>
- Lo Presti, C., Curti, C., Montana, M., Borner, C., & Vanelle, P. (2019). Chickenpox: An update. *Medecine et Maladies Infectieuses*, 7(2), 18–24. <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2018.04.395>
- Lusiana, V. (2022). PERMODELAN MATEMATIKA TRANSMISI KO-INFEKSI TUBERKULOSIS PADA KOMUNITAS HIV. *KNOWLEDGE: Jurnal Inovasi Hasil Penelitian Dan Pengembangan*, 2(2), 146–156. <https://doi.org/10.51878/knowledge.v2i2.1409>
- Musarifa, Hikmah, & Fardinah. (2021). Analisis Model Matematika Seitr Pada Penyakit Cacar. *Journal of Mathematics: Theory and Applications*, 3(2), 45–51. <https://doi.org/10.31605/jomta.v3i2.1372>
- Patil, A., Goldust, M., & Wollina, U. (2022). Herpes zoster: A Review of Clinical Manifestations and Management. *Viruses*, 14(2), 192. <https://doi.org/10.3390/v14020192>
- Phuket Provincial Public Health Office, Phuket Health Development Strategic Plan, Public Health Strategic Development Group, Phuket, Thailand, 2021.
- Ramsay, J., & Hooker, G. (2017). *Linear Differential Equations and Systems*. 7(1), 31–51. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-7190-9_3
- Rohmah, A. M., & Saputra, R. A. K. (2019). PENGENDALIAN OPTIMAL MODEL PENYAKIT. *Jurnal Ilmiah Teknosains*, 5(2), 117–121. <https://doi.org/10.26877/jitek.v5i2.5921>
- San Martin, P., Aunhachoke, K., Batac, M. C. F., Lodrono-Lim, K., Kwanthitinan, C., Santoso, D., Fonseka, T., Nguyen, M., & Guzman-Holst, A. (2023). Systematic Literature Review of Herpes Zoster Disease Burden in Southeast Asia. *Infectious Diseases and Therapy*, 12(6), 1553-1578. <https://doi.org/10.1007/s40121-023-00822-0>

- Sari. (2023). *Kendali Optimal pada Tingkat Penyebaran Cacar Air*. UIN RIAU.
- Sari, S. P., & Arfi, E. (2021). Analisis Dinamik Model SIR Pada Kasus Penyebaran Penyakit Corona Virus Disease-19 (COVID-19). *Indonesian Journal of Applied Mathematics*, 1(2), 61–68. <https://doi.org/10.35472/indojam.v1i2.354>
- Sinaga, D. (2019). Imunotaerapi Pada Cacar Air. *Jurnal*, 3(1), 11–19.
- Zhu, G., Zhou, S., Xu, Y., Gao, R., Zhang, M., Zeng, Q., Su, W., & Wang, R. (2023). Chickenpox and multiple sclerosis: A Mendelian randomization study. *Journal of Medical Virology*, 95(1), 28315. <https://doi.org/10.1002/jmv.28315>
- Zulkifli. (2021). Analisis Kestabilan Model Pertumbuhan Sel Kanker Dengan Terapi Gen Onyx P53. *Proximal: Jurnal Penelitian Matematika Dan Pendidikan Matematika*, 19(4), 41–47. <https://doi.org/10.30605/proximal.v4i2.1244>

LEMBAR PERSETUJUAN SKRIPSI

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya
NIM : 320210302022
Program Studi : Matematika
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer
Judul Skripsi : Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit
Varicella Menggunakan Pemodelan SVEITR

Pembimbing I,



Vina Lusiana, S. Pd., M. Si.
PPPK
NIP. 198301302024212005
Tanggal 1 Juli 2025

Pembimbing II,



Achmad Abdurrazzaq, Ph.D.
Penda Tk. I III/b
NIP. 199304032022031003
Tanggal..... 1 Juli 2025

Mengetahui,

Kepala
Program Studi Matematika



Djoko Heksa Purnomo, S.Si., M.Si.
Kolonel Laut (KH) NRP. 14628/P
Tanggal:..... 3 Juli 2025

Dekan Fakultas MIPA
Militer



Dr. Ir. Ence Darmo Jaya Supena, M.Si
Pembina Utama Muda IV/c
Tanggal:..... 13/8-2025

LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya
NIM : 320210302022
Program Studi : Matematika
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Militer
Judul Skripsi : Pemodelan Matematika Penyebaran penyakit
Varicella Menggunakan Pemodelan SVEITR

No	Nama	Tanda Tangan	Tanggal
1	Dosen Pembimbing I: Vina Lusiana, S. Pd., M.Si. PPPK NIP. 198301302024212005		1/7/2025
2	Dosen Pembimbing II: Achmad Abdurrazzaq, Ph.D. Penda Tk. I III/b NIP.199304032022031003		1/7/2025
3	Dosen Penguji I: Muhammad Syazali, S.Si., M.Si. Penata III/c NIP.198611212022031001		1/7/2025
4	Dosen Penguji II: Dr. Ro'fah Nur Rachmawati, S. Si., M. Si Penda Tk. I III/b NIP. 198612152022032002		1/7/2025

PERNYATAAN ORISINALITAS

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya atau sebagian karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan jenjang apapun di suatu Perguruan Tinggi; dan sepanjang sepengetahuan saya juga tidak terdapat istilah, frasa, kalimat, paragraf, subbab, atau bab dari karya yang pernah ditulis atau diterbitkan; kecuali yang secara tertulis diajukan dalam naskah ini dan disebutkan dalam Daftar Referensi.

Apabila di kemudian hari terbukti bahwa terdapat plagiat dalam skripsi ini, saya bersedia menerima sanksi sesuai ketentuan perturan/undang-undang yang berlaku.

Bogor, 14 Juli 2025



Sadiyana Yaqutna Naqiya

**LEMBAR PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH
UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS**

Sebagai sivitas akademik Universitas Pertahanan Republik Indonesia,
saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Sadiyana Yaqutna Naqiya

NIM : 320210302022

Program Studi : Sarjana Matematika

Fakultas : FMIPA Militer

Jenis Karya : Skripsi

demikian pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Pertahanan Republik Indonesia **Hak Bebas Royalti Noneksklusif (Non-exclusive Royalty-Free Right)** atas karya ilmiah saya yang berjudul:

Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit *Varicella* Menggunakan Pemodelan Sveitr

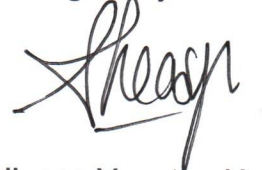
beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). Dengan Hak Bebas Royalti Noneksklusif ini Universitas Pertahanan Republik Indonesia berhak menyimpan, mengalihmedia/formatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (database), merawat, dan memublikasikan tugas akhir saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya

Dibuat di : Bogor

Tanggal : 14 Juli 2025

Yang menyatakan



Sadiyana Yaqutna Naqiya

NIM. 320210302022