JMT (Jurnal Matematika dan Terapan) **7** (2) (2025), 83-93
https://doi.org/10.21009/jmt.7.2.5
e-ISSN: 2615-6792

Pola Penyebaran Penyakit Campak dengan Model SVIR di DKI Jakarta Periode 2021-2022

Muhammad[1, a)], Muhammad Fadhlillah Gymnastiar[2, b)], Andi Izzah Aqilah[3, c)]

[123]*Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Jakarta*

Email: [a)]muhammad@mhs.unj.ac.id, [b)]muhammad.fadhlillah.gymnastiar@mhs.unj.ac.id, [c)]andi.izzah.aqilah@mhs.unj.ac.id

Abstract

Measles is a highly contagious infectious disease with the potential to cause outbreaks, particularly in densely populated areas like DKI Jakarta. The decline in immunization coverage during the COVID-19 pandemic (2021–2022) led to significant fluctuations in cases, necessitating a modeling approach to understand its transmission dynamics. This study aims to analyze the spread pattern of measles using the deterministic SVIR (Susceptible-Vaccinated-Infected-Recovered) mathematical model. Monthly incidence data underwent a pre-processing stage using trend analysis with polynomial regression to minimize reporting noise. Parameter estimation and numerical simulations were conducted using the Runge-Kutta Order 4 method. The analysis results indicate that measles transmission in DKI Jakarta during this period has endemic potential, with a Basic Reproduction Number (R_0) > 1. Model validation demonstrated a very high level of accuracy, with a Coefficient of Determination (R^2) of 0.9918, Mean Absolute Percentage Error (MAPE) of 14.39%, and Root Mean Square Error (RMSE) of 37.86. These findings suggest that the developed SVIR model is highly effective in representing measles epidemiological trends and can serve as a reference for evaluating disease control policies.

Keywords: basic reproduction number, measles, Runge-Kutta, SVIR model, trend analysis.

Abstrak

Campak merupakan penyakit menular yang berpotensi menimbulkan wabah, terutama di wilayah dengan kepadatan penduduk tinggi seperti DKI Jakarta. Penurunan cakupan imunisasi selama pandemi COVID-19 (2021–2022) menyebabkan fluktuasi kasus yang signifikan, sehingga memerlukan pendekatan pemodelan untuk memahami dinamika penyebarannya. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis pola penyebaran penyakit campak menggunakan model matematika deterministik SVIR (*Susceptible-Vaccinated-Infected-Recovered*). Data insiden bulanan terlebih dahulu melalui tahap pra-pemrosesan menggunakan teknik analisis tren dengan regresi polinomial untuk meminimalisir noise pelaporan. Estimasi parameter dan simulasi numerik dilakukan menggunakan metode Runge-Kutta Orde 4. Hasil analisis menunjukkan bahwa penyebaran campak di DKI Jakarta pada periode tersebut memiliki potensi endemik dengan nilai Bilangan Reproduksi Dasar (R_0) > 1. Uji validasi model menunjukkan tingkat akurasi yang sangat tinggi dengan nilai Koefisien Determinasi (R^2) sebesar 0,9918, *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE) sebesar 14,39%, dan *Root Mean Square Error* (RMSE) sebesar 37,86. Hal ini mengindikasikan bahwa model SVIR yang dikembangkan sangat efektif dalam merepresentasikan tren epidemiologi campak dan dapat digunakan sebagai acuan dalam evaluasi kebijakan pengendalian penyakit.

Kata-kata kunci: analisis tren, bilangan reproduksi dasar, campak, model SVIR, Runge-Kutta.

Diterima: 2 Juli 2025, Direvisi: 14 Agustus 2025, Disetujui: 30 Agustus 2025

PENDAHULUAN

Campak merupakan salah satu penyakit menular yang sangat mudah menyebar dengan tingkat penularan yang tinggi pada populasi yang belum memiliki kekebalan. Penyakit ini disebabkan oleh virus Measles dan ditularkan melalui udara maupun droplet, sehingga berpotensi menimbulkan wabah terutama di wilayah dengan cakupan imunisasi rendah. Menurut WHO, cakupan imunisasi campak di Indonesia mengalami penurunan selama pandemi COVID-19, dengan MCV1 sebesar 87% dan MCV2 sebesar 65% pada tahun 2020, sebelum kembali menurun pada 2021 akibat terganggunya layanan kesehatan (WHO 2023). UNICEF juga melaporkan bahwa pandemi menyebabkan penurunan signifikan cakupan imunisasi dasar lengkap pada anak, sehingga meningkatkan risiko terjadinya KLB campak di berbagai provinsi (UNICEF Indonesia 2022). Di sisi lain, DKI Jakarta menghadapi tantangan yang berbeda dari wilayah endemis malaria. Mobilitas penduduk yang sangat tinggi, interaksi sosial yang padat, dan penggunaan ruang publik yang hampir tidak pernah sepi membuat wilayah ini lebih rentan terhadap penyebaran berbagai penyakit. Laporan surveilans bahkan mencatat adanya ratusan kasus suspek campak selama periode 2021–2022, menunjukkan bahwa penularan penyakit ini masih terjadi di tengah aktivitas kota yang terus berlangsung. Hal ini menunjukkan bahwa penularan campak masih berlangsung meskipun berbagai intervensi kesehatan telah dilakukan (Kasriani et al 2025). Situasi khas kota besar dengan pergerakan penduduk yang sangat dinamis dapat mempercepat penyebaran virus, sehingga diperlukan pemahaman yang lebih mendalam mengenai pola penyebaran campak di DKI Jakarta. Dalam konteks oni, pemodelan matematika menjadi alat penting untuk memahami dinamika penularan penyakit. Salah satu model yang paling banyak digunakan adalah model *Susceptible–Infected–Recovered* (SIR) yang diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick (1927). Model ini membagi populasi ke dalam tiga kompartemen: rentan (S), terinfeksi (I), dan sembuh atau memiliki kekebalan (R). Pendekatan ini dinilai efektif untuk menggambarkan penyakit infeksi akut seperti campak, membantu menghitung angka reproduksi dasar (R_0), serta menganalisis kestabilan penyebaran penyakit dalam suatu populasi (Hethcote 2000).

Beberapa penelitian tentang pemodelan campak di Indonesia telah dilakukan sebelumnya. Misalnya, ada studi yang menggunakan model SIR dengan memasukkan peran imunisasi (Aziziah 2017), penelitian yang meninjau penyebaran campak melalui komponen vaksinasi (Fatmawati et al 2020), serta kajian menggunakan model SIHR untuk melihat dinamika campak di Jakarta sebelum pandemi (Fakhruddin et al 2020). Meskipun memberikan gambaran yang penting, sebagian besar penelitian tersebut masih berfokus pada periode sebelum pandemi COVID-19, ketika cakupan imunisasi berada pada kondisi yang relatif stabil. Pada tahun 2021–2022, cakupan imunisasi menurun cukup signifikan, dan perubahan ini kemungkinan besar memengaruhi pola penyebaran campak serta nilai parameter epidemiologisnya (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2022, 2023). Artinya, dinamika campak pada masa pandemi tidak bisa sepenuhnya dijelaskan menggunakan model atau data dari periode sebelumnya. Berdasarkan celah tersebut, penelitian ini menawarkan kebaruan dengan memodelkan penyebaran campak di DKI Jakarta pada tahun 2021–2022 menggunakan model SVIR. Melalui pendekatan ini, penelitian bertujuan untuk menggambarkan pola penularan secara matematis, mengestimasi parameter epidemiologis, dan menafsirkan angka reproduksi dasar (R_0) pada kondisi pandemi. Hasil analisis diharapkan dapat memperkaya kajian epidemiologi campak di wilayah perkotaan serta menjadi referensi dalam penyusunan kebijakan pencegahan yang lebih tepat dan berbasis bukti.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini menggunakan pendekatan kuantitatif dengan metode pemodelan matematika sistem dinamik untuk menganalisis pola penyebaran penyakit campak. Tahapan penelitian dilakukan secara sistematis sebagai berikut:

- Pengumpulan data dalam penelitian ini menggunakan sumber data sekunder. Data utama berupa jumlah insiden kasus campak di wilayah DKI Jakarta selama periode tahun 2021 hingga 2022 diperoleh dari publikasi resmi Profil Kesehatan Indonesia yang diterbitkan oleh Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2022, 2023).

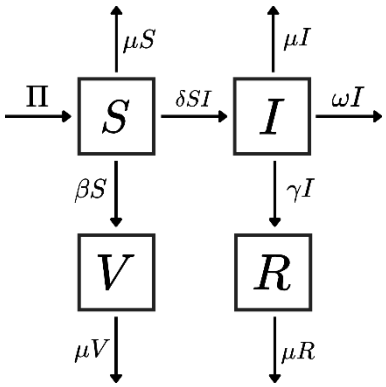
- Pra-pemrosesan Data Mengingat data insiden kasus di lapangan seringkali mengandung fluktuasi acak akibat keterlambatan pelaporan atau variabilitas harian, dilakukan tahapan penghalusan data sebelum proses kalibrasi model. Penelitian ini menerapkan teknik analisis tren menggunakan regresi polinomial orde-4 untuk mengekstrak tren epidemiologi fundamental dari data kasar. Pendekatan ini mengacu pada metode yang diterapkan oleh Castillo et al. yang menunjukkan bahwa penggunaan fungsi polinomial efektif untuk meminimalisir gangguan stokastik pada data penyakit menular. Selain itu, penghalusan data ini bertujuan agar estimasi parameter dan bilangan reproduksi dasar (R_0) menjadi lebih akurat dan tidak bias terhadap data pencilan, sebagaimana disarankan dalam studi epidemiologi campak oleh Liu et al. dan Pellis et al. (2021).
- Konstruksi Model SVIR Model matematika yang dibangun adalah model deterministik kompartemen SVIR. Populasi dibagi menjadi empat kelas: rentan (S), tervaksinasi (V), terinfeksi (I), dan sembuh (R). Model ini diasumsikan bersifat otonom dengan laju penularan yang dipengaruhi oleh interaksi massal. Parameter model ditentukan berdasarkan literatur, data demografi, dan estimasi kecocokan.
- Analisis dan Simulasi Numerik Analisis model dilakukan dengan menentukan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit (DFE) dan Titik Kesetimbangan Endemik (EE), serta menghitung Bilangan Reproduksi Dasar (R_0) menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Simulasi numerik dijalankan menggunakan metode Runge-Kutta Orde 4 (RK4) dengan bantuan bahasa pemrograman Python untuk memvisualisasikan dinamika populasi selama 24 bulan pengamatan.
- Validasi Model Untuk menguji performa model, hasil simulasi (I_{model}) dibandingkan dengan data tren lapangan (I_{data}) menggunakan tiga indikator statistik: *Root Mean Square Error* (RMSE) untuk mengukur rata-rata penyimpangan, *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE) untuk mengukur persentase kesalahan relatif, dan Koefisien Determinasi (R^2) untuk mengukur kecocokan pola kurva.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Matematika

Jumlah populasi S akan bertambah dengan besarnya laju kelahiran alami Π, namun karena adanya kematian alami dengan laju μ, interaksi antar individu pada kompartemen S dan individu kompartemen V yang mengakibatkan jumlah S berkurang dan masuk ke kompartemen V dengan laju β, serta kontak antar individu pada kompartemen S dan individu kompartemen I yang mengakibatkan jumlah S berkurang dan masuk ke kompartemen I dengan laju δ. Jumlah populasi V akan bertambah akibat adanya interaksi antar individu pada kompartemen S dan individu kompartemen V yang mengakibatkan perpindahan ke kompartemen V dengan laju β. Namun, jumlah ini akan berkurang karena adanya kematian alami dengan laju μ. Jumlah populasi I akan bertambah akibat adanya interaksi antar individu rentan (S) dengan individu terinfeksi (I) dengan laju δ. Namun, jumlah ini akan berkurang akibat kematian alami dengan laju μ, kematian yang disebabkan oleh penyakit dengan laju ω, serta adanya interaksi dengan individu sembuh (R) yang mengakibatkan kesembuhan dan masuk ke kompartemen R dengan laju γ. Jumlah populasi R akan bertambah dari individu kompartemen I yang mengalami kesembuhan akibat interaksi dengan R dengan laju γ. Jumlah populasi ini kemudian akan berkurang dikarenakan adanya kematian alami dengan laju μ.

Dari penjelasan tersebut maka dapat digabungkan sehingga menjadi suatu sistem.



GAMBAR 1. Diagram Kompartmen Model Matematika SVIR.

Berdasarkan uraian dan diagram kompartmen tesebut maka dapat dibentuk sistem sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = \Pi - \beta S - \delta SI - \mu S \quad (1)$$

$$\frac{dV}{dt} = \beta S - \mu V \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \delta SI - \gamma I - \mu I - \omega I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (4)$$

Dengan:
$S(t)$: banyaknya individu rentan (S) pada waktu t,
$V(t)$: banyaknya individu tervaksinasi (V) pada waktu t,
$I(t)$: banyaknya individu terinfeksi (I) pada waktu t,
$R(t)$: banyaknya individu sembuh (R) pada waktu t,
Π : laju kelahiran alami,
μ : laju kematian alami,
β : laju vaksinasi,
δ : laju inveksi individu rentan,
ω : laju kematian akibat penyakit,
γ : laju kesembuhan.

Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit (DFE)

Titik kesetimbangan bebas penyakit (DFE), $E^0 = (S^0, V^0, I^0, R^0)$ adalah kejadian dimana tidak ada individu yang terinfeksi atau $I^0 = 0$.

Atur agar $\frac{dS}{dt} = \frac{dV}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$ dan $I_0 = 0$, maka titik tetap untuk masing masing kompartemen adalah sebagai berikut:

$I^0 = 0$

$$\frac{dR}{dt} = 0 = \gamma(0) - \mu R^0$$

$$\frac{dR}{dt} = 0 = -\mu R^0 \rightarrow R^0 = 0$$

$$\frac{dS}{dt} = 0 = \Pi - \beta S^0 - \delta S^0(0) - \mu S^0$$

$$\frac{dS}{dt} = 0 = \Pi - (\beta + \mu)S^0 \rightarrow S^0 = \frac{\Pi}{(\beta + \mu)}$$

$$\frac{dV}{dt} = 0 = \beta S^0 - \mu V^0$$

$$\frac{dV}{dt} = 0 = \beta S^0 - \mu V^0 \ \rightarrow V^0 = \frac{\beta V^0}{\mu} = \frac{\beta\ \Pi}{\mu(\beta + \mu)}$$

Maka titik kesetimbangan bebas penyakit (DFE) adalah:

$$E^0 = \left(\frac{\Pi}{(\beta + \mu)}, \frac{\beta\Pi}{\mu(\beta + \mu)}, 0{,}0\right) \tag{5}$$

Bilangan Reproduksi Dasar R_0

Matriks jacobian pada kondisi DFE

$$F = \left[\frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)}\right]$$
$$V = [\gamma + \mu + \omega]$$

Untuk Kompartemen I pada persamaan (4) didapati:

$$F_I = \delta SI + \sigma VI$$
$$V_I = V_I^- - V_I^+$$
$$(\gamma + \mu + \omega)I \tag{6}$$

Maka bentuk vektor F dan V dari persamaan (6) didapat:

$$F(x) = [\delta SI + \sigma VI] \tag{7}$$

$$V(x) = [(\gamma + \mu + \omega)I] \tag{8}$$

Menentukan R_0 menggunakan *Next Generation Matrix* dan mencari nilai eigen terbesar

$$K = FV^{-1}$$
$$K = \frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)}\ \frac{1}{\gamma + \mu + \omega} = \frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)(\gamma + \mu + \omega)}$$
$$\det(K - \lambda I) = \left|\frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)(\gamma + \mu + \omega)} - \lambda\right| = 0$$
$$R_0 = \lambda = K = \frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)(\gamma + \mu + \omega)} \tag{9}$$

Titik Kesetimbangan Endemik

Titik kesetimbangan endemik (EE), $E^* = (S^*, V^*, I^*, R^*)$ adalah kejadian dimana ada individu yang terinfeksi atau $I^* > 0$.

Atur agar $\frac{dS}{dt} = \frac{dV}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$ dan $I^* > 0$, maka titik tetap untuk masing masing kompartemen adalah sebagai berikut:

$$\frac{dI}{dt} = 0 = \ \delta S^* I^* - (\gamma + \mu + \omega)I^*$$
$$\frac{dI}{dt} = 0 = \ \delta S^* - (\gamma + \mu + \omega) \rightarrow S^* = \frac{\gamma + \mu + \omega}{\delta} = \frac{a}{\delta}; a = \gamma + \mu + \omega$$
$$\frac{dR}{dt} = \ 0 = \gamma I^* - \mu R^* \rightarrow R^* = \frac{\gamma I^*}{\mu}$$

$$\frac{dV}{dt} = 0 = \beta S^* - \mu V^* \rightarrow V^* = \frac{\beta S^*}{\mu} = \frac{\beta(\gamma + \mu + \omega)}{\mu\delta}$$
$$\frac{dS}{dt} = 0 = \Pi - \beta S^* - \delta S^* I^* - \mu S^*$$
$$\frac{dS}{dt} = 0 = \Pi - \delta S^* I^* - (\beta + \mu)S^* \rightarrow I^* = \frac{\Pi - (\beta + \mu)S^*}{\delta S^*}$$
$$I^* = \frac{\Pi}{\delta\left(\frac{a}{\delta}\right)} - \frac{(\beta + \mu)}{\delta\left(\frac{a}{\delta}\right)}\frac{a}{\delta} = \frac{\Pi}{a} - \frac{(\beta + \mu)}{\delta} = \frac{\Pi\delta - (\beta + \mu)a}{\delta a} = \frac{(\beta + \mu)(R_0 - 1)}{\delta}$$

$$I^* = \frac{(\beta + \mu)(R_0 - 1)}{\delta} \tag{10}$$

Karena nilai parameter $\beta, \mu, \delta > 0$, maka nilai dari I^* bergantung pada nilai R_0.

$$I^* > 0 \leftrightarrow \frac{(\beta + \mu)(R_0 - 1)}{\delta} > 0 \leftrightarrow R_0 > 1 \tag{11}$$

Dengan demikian kondisi endemik (EE) ada jika $I^* > 0 \leftrightarrow R_0 > 1$

Analisis Kestabilan Lokal Bebas Penyakit

Analisis kestabilan lokal di sekitar titik ekuilibrium ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks Jacobi yang diperoleh dari metode linierisasi.

$$J(E^0) = \begin{bmatrix} -(\beta + \mu) & 0 & -\delta\left(\frac{\Pi}{(\beta + \mu)}\right) & 0 \\ \beta & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta\left(\frac{\Pi}{(\beta + \mu)}\right) - \gamma - \mu - \omega & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix} \tag{12}$$

Dengan menghitung $\det[\lambda I - J] = 0$ diperoleh nilai eigen dari matriks sebagai berikut, karena ini merupakan matriks segitiga atas ketika dipartisi menjadi matriks 2x2, maka untuk memperoleh nilai eigennya adalah elemen diagonal utamanya saja.

$$\lambda_1 = -(\beta + \mu),$$
$$\lambda_2 = -\mu,$$
$$\lambda_3 = \delta\left(\frac{\Pi}{(\beta + \mu)}\right) - \gamma - \mu - \omega,$$
$$\lambda_4 = -\mu$$

Jelas bahwa $\lambda_{1,2,4} < 0$. Hal ini berarti kestabilan titik bebas penyakit bergantung pada λ_3. Karena $\lambda_{1,2,4}$ bernilai negatif, maka $\mu > 0$, dengan demikian jika kita ingin mendapatkan λ_3:

$$\lambda_3 < 0 \leftrightarrow \delta\left(\frac{\Pi}{(\beta + \mu)}\right) < \gamma + \mu + \omega$$
$$\lambda_3 < 0 \leftrightarrow \frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)} < \gamma + \mu + \omega \leftrightarrow \frac{\delta\Pi}{(\beta + \mu)(\gamma + \mu + \omega)} < 1$$

Karena kita punya $\frac{\delta\Pi}{(\beta+\mu)(\gamma+\mu+\omega)} < 1$ maka $\frac{\delta\Pi}{(\beta+\mu)(\gamma+\mu+\omega)} = R_0$ jadi $\lambda_3 < 0 \leftrightarrow R_0 < 1$

Artinya titik kesetimbangan bebas penyakit E_0 adalah stabil asimtotik lokal jika dipenuhi kondisi:

$$R_0 < 1 \text{ atau } R_0 = \frac{\delta\Pi}{(\beta+\mu)(\gamma+\mu+\omega)} < 1 \tag{13}$$

Analisis Kesatabilan Lokal Endemik

Analisis kestabilan lokal di sekitar titik endemik ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks Jacobi yang diperoleh dari metode linierisasi.

$$J(E^*) = \begin{bmatrix} -(\beta + \delta I^* + \mu) & 0 & -\delta S^* & 0 \\ \beta & -\mu & 0 & 0 \\ \delta I^* & 0 & \delta S^* - \gamma - \mu - \omega & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix} \quad (14)$$

$$J(E^*) = \begin{bmatrix} -(\beta + \delta I^* + \mu) & 0 & -\delta\left(\frac{\gamma + \mu + \omega}{\delta}\right) & 0 \\ \beta & -\mu & 0 & 0 \\ \delta I^* & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix} \quad (15)$$

Dengan menghitung $\det[\lambda I - J] = 0$ diperoleh nilai eigen dari matriks sebagai berikut:

$$\lambda I - J(E^*) = \begin{bmatrix} \lambda + (\beta + \delta I^* + \mu) & 0 & \gamma + \mu + \omega & 0 \\ \beta & \lambda + \mu & 0 & 0 \\ -\delta I^* & 0 & \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & \lambda + \mu \end{bmatrix} \quad (16)$$

Dengan menggunakan ekspansi kofaktor pada kolom ke-4, didapat faktor nilai eigen pertama yaitu:

$$\lambda + \mu = 0 \Longrightarrow \lambda_1 = -\mu$$

Selanjutnya, dengan mengitung determinan sub-matriks sisa berukuran 3×3 dan menggunakan ekspansi kofaktor pada kolom ke-2 matriks sisa tersebut didapat:

$$(\lambda + \mu) \cdot det \begin{bmatrix} \lambda + (\beta + \delta I^* + \mu) & \gamma + \mu + \omega \\ -\delta I^* & \lambda \end{bmatrix} = 0 \quad (17)$$

Maka diperoleh nilai eigen kedua yaitu:

$$\lambda_2 = -\mu$$

Persamaan polinomial kuadrat dari sisa matriks determinan 2×2 adalah:

$$\lambda^2 + (\beta + \delta I^* + \mu)\lambda + \delta I^*(\gamma + +\omega) = 0$$

Berdasarkan kriteria polinomial Hurwitz, sebuah persamaan kuadrat $\lambda^2 + A\lambda + B = 0$ akan memiliki akar-akar bernilai riil negatif jika dan hanya jika koefisien $A > 0$ dan $B > 0$. Karena semua nilai parameter bernilai positif $(\beta, \mu, \gamma, \omega, \delta, I^* > 0)$, maka nilai eigen λ_3 dan λ_4 dipastikan bernilai riil negatif. Karena semua nilai eigen bernilai riil negatif $(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4 < 0)$ sehingga, titik kesetimbangan endemik (E^*) dinyatakan bersifat stabil asimtotik lokal ketika $R_0 > 1$.

Simulasi Numerik

Setelah dilakukan analisis kestabilan lokal, tahap selanjutnya adalah melakukan simulasi numerik terhadap model SVIR yang telah dikonstruksi. Simulasi ini bertujuan untuk memvisualisasikan dinamika penyebaran penyakit campak di DKI Jakarta pada periode 2021–2022, serta memvalidasi hasil analisis kestabilan yang telah dilakukan sebelumnya.

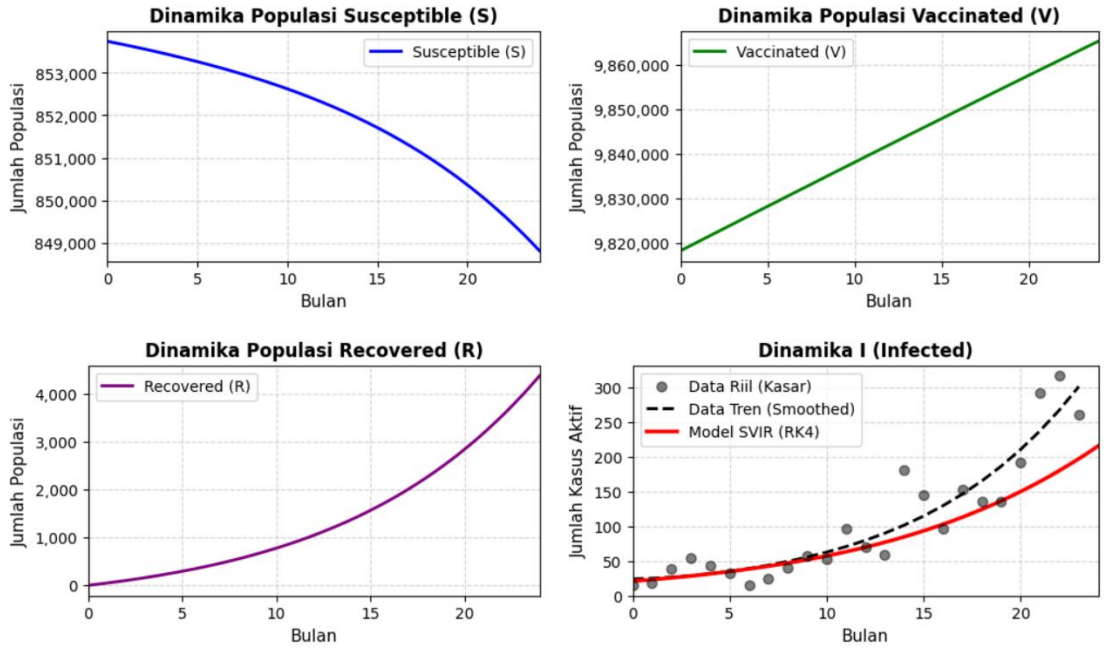
Sebelum dilakukan simulasi dan kalibrasi parameter, data insiden kasus campak bulanan yang diperoleh dari Dinas Kesehatan DKI Jakarta terlebih dahulu melalui tahap pra-pemrosesan data menggunakan teknik analisis tren dengan pendekatan regresi polinomial. Langkah penghalusan data ini dilakukan untuk meminimalisir dampak fluktuasi acak akibat variabilitas pelaporan bulanan, sehingga dapat diperoleh tren epidemiologi fundamental yang lebih representatif untuk pemodelan deterministik. Pendekatan ini mengacu pada metode yang digunakan oleh Castillo et al. (2023) yang menunjukkan efektivitas penggunaan fungsi polinomial dalam mengekstrak tren penyakit menular dari data yang memiliki gangguan stokastik. Selain itu, penggunaan data tren yang telah dihaluskan juga bertujuan untuk memastikan estimasi parameter dan bilangan reproduksi dasar (R_0) yang lebih akurat dan tidak bias terhadap gangguan data jangka pendek, sebagaimana disarankan dalam studi epidemiologi campak oleh Pellis et al. (2021) dan Liu et al. (2024).

Simulasi numerik dijalankan menggunakan metode Runge-Kutta Orde 4 dengan rentang waktu pengamatan selama 24 bulan ($t = 0$ hingga $t = 24$). Nilai parameter yang digunakan dalam simulasi ini didasarkan pada data demografi Badan Pusat Statistik (BPS) DKI Jakarta dan laporan surveilans Dinas Kesehatan. Rincian nilai parameter yang digunakan disajikan dalam tabel berikut.

TABEL 1. NILAI PARAMETER SIMULASI

Parameter	Definisi	Nilai/Perbulan
Π	laju kelahiran alami	11.029
μ	laju kematian alami	0,00085
β	laju vaksinasi	0,0121123
δ	laju inveksi individu rentan	$2{,}63 \times 10^{-6}$
ω	laju kematian akibat penyakit	0
γ	Laju kesembuhan	2,14

Selain parameter di atas, simulasi ini menggunakan *initial values* yang merepresentasikan kondisi populasi pada bulan Januari 2021. Dengan total populasi $N = 10.672.100$ jiwa, dan nilai awal untuk setiap kompartemen ditetapkan sebagai berikut: $I^0 = 21$ jumlah kasus aktif awal, $V^0 = 92\%$ individu tervaksinasi awal, $R^0 = 0$, dan $S^0 = 853.747$.



GAMBAR 2. Grafik Simulasi Dinamika Populasi SVIR di DKI Jakarta Tahun 2021 – 2022

Validasi Model

Untuk mengukur tingkat keakuratan model SVIR yang merepresentasikan kondisi riil penyebaran campak di DKI Jakarta, dilakukan uji validasi menggunakan tiga indikator statistik utama, yaitu *Root Mean Square Error* (RMSE), *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE), dan Koefisien Determinasi (R^2). RMSE digunakan untuk mengukur rata-rata besaran kesalahan prediksi model terhadap data aktual, MAPE digunakan untuk mengetahui persentase rata-rata kesalahan mutlak relatif terhadap data aktual, sedangkan R^2 digunakan untuk melihat seberapa besar variabilitas data yang dapat dijelaskan oleh model. Rumus yang digunakan adalah sebagai berikut:

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2} \tag{18}$$

$$MAPE = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left|\frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i}\right| \times 100\% \quad (19)$$

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2} \quad (20)$$

Dimana n adalah jumlah data pengamatan (24 bulan), y_i adalah data aktual jumlah kasus campak pada bulan ke-i, $\hat{y}_i$ adalah hasil simulasi model pada bulan ke-i, dan $\bar{y}$ adalah rata-rata dari data aktual. Berdasarkan hasil perhitungan antara data riil Dinas Kesehatan DKI Jakarta (2021–2022) dengan hasil simulasi numerik model SVIR, diperoleh nilai validasi sebagai berikut:

TABEL 2. HASIL UJI VALIDASI MODEL

Indikator Validasi	Nilai	Keterangan
RMSE	37,86	Tingkat deviasi model
MAPE	14,39%	Persentase kesalahan
R − Square (R^2)	0,9918	Korelasi model sangat kuat

Hasil uji validasi menunjukkan performa model yang sangat baik. Nilai MAPE sebesar 14,39% mengindikasikan bahwa rata-rata kesalahan persentase prediksi model terhadap data aktual tergolong rendah. Dalam pemodelan epidemiologi, nilai MAPE di bawah 20% sering dikategorikan sebagai kemampuan peramalan yang baik, yang berarti model mampu mengikuti tren data lapangan dengan presisi yang tinggi.

Selanjutnya, diperoleh nilai RMSE sebesar 37,86. Angka ini merepresentasikan rata-rata deviasi atau simpangan jumlah kasus hasil simulasi terhadap data riil. Mengingat rentang fluktuasi kasus campak di DKI Jakarta yang mencapai ratusan kasus pada periode tertentu, nilai simpangan ini masih berada dalam batas toleransi yang wajar dan menunjukkan bahwa model tidak mengalami *overestimation* atau *underestimation* yang ekstrem.

Indikator kekuatan model dipertegas dengan nilai R^2 (*R-Square)* sebesar 0,9918. Nilai ini mendekati 1, yang berarti bahwa model SVIR yang dikembangkan mampu menjelaskan sekitar 99,18% variabilitas yang terjadi pada data riil kasus campak di lapangan. Hal ini menunjukkan adanya korelasi yang sangat kuat antara hasil simulasi dengan data aktual. Tingginya nilai R^2 membuktikan bahwa model ini sangat efektif dalam menangkap pola dinamika penyebaran penyakit, baik pada fase penurunan kasus maupun saat terjadi lonjakan.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis dan pembahasan yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa pemodelan matematika sistem dinamik menggunakan kompartemen SVIR mampu merepresentasikan pola penyebaran penyakit campak di DKI Jakarta pada periode 2021-2022 dengan baik. Hasil analisis kestabilan lokal menunjukkan bahwa penyebaran penyakit akan menuju kondisi endemik dan bersifat stabil asimtotik lokal apabila bilangan reproduksi dasar R_0 bernilai lebih besar dari satu $R_0 > 1$.

Penerapan metode pra-pemrosesan menggunakan analisis tren regresi polinomial terbukti efektif dalam mengekstrak tren epidemiologi fundamental dengan meminimalisir fluktuasi acak pada data pelaporan bulanan. Selanjutnya, hasil simulasi numerik menggunakan metode Runge-Kutta Orde 4 menunjukkan kesesuaian kurva yang sangat identik dengan data riil di lapangan.

Performa model divalidasi dengan hasil yang sangat memuaskan, ditandai dengan nilai MAPE sebesar 14,39% yang mengindikasikan tingkat kesalahan prediksi yang rendah, serta RMSE sebesar 37,86. Selain itu, nilai koefisien determinasi R^2 yang mencapai 0,9918 mengegaskan bahwa model SVIR yang dikembangkan ini mampu menjelaskan hingga 99,18% variabilitas dinamika kasus campak di lapangan. Secara keseluruhan, keakuratan model ini menjadikannya sangat layak untuk digunakan sebagai referensi ilmiah dan acuan evaluasi bagi pemangku kebijakan kesehatan dalam merancang strategi pengendalian wabah campak di masa depan.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Jakarta, atas dukungan fasilitas akademik yang diberikan. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada Dinas Kesehatan Provinsi DKI Jakarta dan Badan Pusat Statistik DKI Jakarta atas penyediaan data yang digunakan dalam penelitian ini.

REFERENSI

Ahaya, SO, Rahmi, E & Nurwan 2020, 'Analisis dinamik model SVEIR pada penyebaran penyakit campak', *Jambura Journal of Biomathematics*, vol. 1, pp. 57-64.

Aziziah, AN 2017, 'Model SIR pada epidemi penyakit campak berdasarkan umur dengan pengaruh imunisasi', *Jurnal Mathunesa*, vol. 5, no. 3, pp. 233–240.

Castillo, RCJ, Mendoza, VMP, Lope, JE & Mendoza, R 2023, 'Modeling infectious disease trend using Sobolev polynomials', *Communication in Biomathematical Sciences*, vol. 6, no. 2, pp. 100–107.

Fakhruddin, M, Khalaf, OI & Khudair, KK 2020, 'Investigation of a measles transmission with vaccination in Jakarta via an SIHR epidemic model', *Mathematical Biosciences and Engineering*, vol. 17, no. 5, pp. 5222–5240.

Fatmawati, A, Junaidi, A & Sahari, A 2020, 'Model dinamika penyebaran penyakit campak dengan pengaruh vaksinasi', *Jurnal Euler*, vol. 8, no. 1, pp. 32–41.

Hakim, L 2022, 'Strategi kontrol optimal model SIQR pada penyebaran penyakit campak', *Leibniz: Jurnal Matematika*, vol. 2, pp. 65-76.

Hethcote, HW 2000, 'The mathematics of infectious diseases', *SIAM Review*, vol. 42, no. 4, pp. 599–653.

Kasriani, K, Dewi, SR & Fitriani, N 2025, 'Faktor-faktor yang berhubungan dengan kelengkapan imunisasi pada balita suspek campak di Puskesmas', *Family Health Journal*, vol. 8, no. 1, pp. 45–54.

Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2022). Profil kesehatan Indonesia 2021. Kementerian Kesehatan RI. https://www.kemkes.go.id/id/profil-kesehatan-indonesia-2021.

Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2023). Profil kesehatan Indonesia 2022. Kementerian Kesehatan RI. https://kemkes.go.id/id/indonesia-health-profile-2022.

Kermack, WO & McKendrick, AG 1927, 'A contribution to the mathematical theory of epidemics', *Proceedings of the Royal Society A*, vol. 115, no. 772, pp. 700–721.

Liu, Q, Li, J, Liu, S, Tang, L, Wang, X, Huang, A, Xu, X, Xiu, Y, Yang, H, Wen, N, Rodewald, L, Wang, F & Yin, Z 2024, 'The epidemiological characteristics and spatiotemporal clustering of measles — China, 2005–2022', *China CDC Weekly*, vol. 6, no. 27, pp. 665–669.

Pellis, L, et al. 2021, 'Appropriately smoothing prevalence data to inform estimates of growth rate and reproduction number', *medRxiv*. https://doi.org/10.1101/2020.12.23.20248795

Rohmah, AM, Rohmaniah, SA & Saputra, RA (no date), 'Model kontrol optimal SIR pada penyakit campak', *Jurnal UJMC*, vol. 8, pp. 67-73.

Sahni, A, Marentek, TK & Suwandi (no date), 'Dinamika model epidemik SVIR terhadap penyebaran penyakit campak dengan strategi vaksinasi kontinu'. (Lengkapi nama jurnal/penerbit jika ada).

UNICEF Indonesia 2022, *Indonesia's catch-up immunization campaign tackles major decline in childhood immunization*, diakses 20 Desember 2024, https://www.unicef.org/indonesia.

Widyaningsih, P, Kristianto, W & Saputra, DR 2021, 'Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered: formulasi dan penerapan model pada penyebaran penyakit campak di Indonesia', *AKSIOMA: Jurnal Matematika dan Pendidikan Matematika*, vol. 12, pp. 271-278.

World Health Organization 2023, *Measles – Indonesia: Disease Outbreak News*, diakses 20 Desember 2024, https://www.who.int.