



Pola Penyebaran Penyakit Demam Berdarah dengan Model SIR di Madiun Tahun 2020-2022

Muhamad Adzib Baihaqi^{1✉}, Putri Balqis Al-Kubro², Rhavida Anniza Andyani³,
Yayuk Setyawati⁴, Umi Budi Rahayu⁵, Munaaya Fitriyya⁶

¹⁻⁴Fakultas Ilmu Formal dan Ilmu Terapan, Universitas Muhammadiyah Madiun, Indonesia

⁵Fakultas Ilmu Kesehatan, Universitas Muhammadiyah Surakarta, Indonesia

⁶Fakultas Ilmu Kesehatan, ITS PKU Muhammadiyah Surakarta, Indonesia

✉Corresponding email: mab307@email.com

Histori Artikel:

Submit: 13 Oktober 2023; Revisi: 29 November 2023; Diterima: 3 Desember 2023

Publikasi: 8 Desember 2023; Periode Terbit: Maret 2024

Doi: 10.23917/jkk.v3i1.171

Abstrak

Model SIR telah banyak digunakan dalam mendeteksi pola penyebaran penyakit menular. Penyakit demam berdarah merupakan salah satu penyakit yang dapat diprediksi pola penyebarannya dengan model SIR. Model ini membagi satu populasi dengan tiga kompartemen saling asing yaitu Susceptible (S), Infected (I), dan Recovered (R). Penelitian ini menggunakan data riil yang dirilis oleh Badan Pusat Statistik (BPS). Angka parameter diperoleh dengan mengolah data tersebut, kemudian diterapkan pada model yang dipakai. Penyebaran penyakit demam berdarah di Madiun dengan model SIR ditentukan oleh Bilangan Reproduksi (R_0). Pada pemodelan ini diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit (Disease-free equilibrium). Titik ekuilibrium bebas penyakit (Disease-free equilibrium) bersifat stabil asimtotik jika $R_0 < 1$.

Kata Kunci: demam berdarah, model SIR, bilangan reproduksi

Pendahuluan

Salah satu penyakit yang telah menjadi endemic dan memiliki penyebaran cukup luas di seluruh daerah Indonesia yaitu demam berdarah. Yang termasuk dalam bencana biologis meliputi skenario alam yang berkaitan dengan penyakit, kecacatan, atau bahkan kematian secara masif akibat bakteri, virus, racun, atau mikroorganisme lain di antara makhluk hidup di bumi (Awaludin et al., 2023). Penyakit tersebut menjadi perhatian

penting bagi pemerintah terutama yang bergerak di bidang Kesehatan (Lina & Saraswati, 2020). Penyebaran penyakit tersebut yang masif dan sangat luas menyebabkan tingginya kasus demam berdarah di beberapa daerah. Penyakit ini disebabkan oleh nyamuk aedes aegypti. Penyebaran jenis nyamuk yang membawa virus dengue ini sangat dipengaruhi oleh iklim (Susanti et al., 2022). Keadaan iklim yakni suhu, kelembapan dan Curah hujan sangat mempengaruhi pola penyebaran



nyamuk aedes aegypti yang membawa virus dengue (Enyasih et al., 2023). Perubahan atmosfer antropogenik pada lapisan bawah iklim mempengaruhi seluruh aktivitas manusia sehari-hari terjadi (Susilawati et al., 2022). Banyak cara yang telah dilakukan pemerintah dalam mengatasi penyebaran virus dengue yang dibawa oleh nyamuk aedes aegypti (Abdul Nasir Zakaria et al., 2022). Gerakan 1 rumah 1 jumantik yang dilaksanakan di beberapa daerah mampu mengklasifikasi faktor-faktor endemis demam berdarah di daerah tersebut (Afanin Zulfa et al., 2021). Upaya lain dalam pencegahan penyebaran virus dengue adalah pelaksanaan 3M plus yakni menutup, menguras, dan menimbun serta tindakan lain yang selaras dengan upaya pencegahan penyebaran virus dengue. Pengobatan individu yang terinfeksi demam berdarah bersifat simptomatik dan suportif (Sukohar, 2014).

Pola penyebaran virus dengue yang dibawa oleh nyamuk aedes aegypti dapat ditinjau dari ilmu matematik. Lebih lanjut, pola yang telah terbentuk tersebut dapat dijadikan rujukan untuk mengeliminasi populasi nyamuk aedes aegypti di berbagai daerah. Pola yang telah dilakukan beberapa peneliti dalam upaya mengetahui penyebaran virus dengue adalah Model SIR. Model SIR pertama kali digagas oleh Kendrick dan Kermack pada tahun 1927. Model ini diawali dengan membagi suatu populasi menjadi 3 bagian. Populasi pertama adalah *Susceptible* (S), dalam populasi ini

berisi individu yang sehat. Kedua, *Infected* (I), populasi ini melibatkan individu yang telah terjangkit suatu penyakit. Terakhir, kelompok *Recovered* (R) kelompok yang telah sembuh dari penyakit tersebut. Penggunaan model SIR sangat luas cakupannya dan beberapa peneliti mengkombinasi antara SIR dan beberapa penyakit lain. Pada penelitian (Chanprasopchai et al., 2018), model SIR digunakan untuk melihat pola penyebaran infeksi demam berdarah dengan melibatkan faktor vaksinasi. Pada penelitian tersebut dapat disimpulkan bahwa penyebaran demam berdarah akan hilang dengan sendirinya ketika memenuhi angka tertentu yang mengakibatkan bilangan R_0 kurang dari satu. Pada penelitian (Sanusi et al., 2021), model SIR dimodifikasi menjadi SIRS. Hal tersebut berarti bahwa setelah individu tersebut sembuh atau masuk kelompok *Recovered* (R) maka akan kembali masuk ke kelompok *Susceptible* (S). Lebih lanjut, jika ditinjau dari bilangan reproduksi berdasarkan data real didapatkan angka 24,476, sehingga $R_0 > 1$.

Dalam kasus lain, model SIR dapat dipasangkan dengan penyebaran penyakit lain. Pada penelitian (Kharis & Cahyono, 2015), Model SIR dimodifikasi dengan menambahkan kompartemen S sehingga menjadi model SIRS. Model SIRS pada penelitian tersebut digunakan untuk mencari pola penyebaran influenza dengan vaksinasi. Pola penyebaran influenza juga diterangkan pada penelitian (Fathoni, 2018).



Penelitian tersebut menjelaskan bahwa penyebaran influenza tipe A (H1N1) dapat ditinjau dari model SIR sebagai dasar. Pada penelitian ini, terdapat modifikasi pada beberapa kompartemen. Kompartemen S dan I tetap dipertahankan pada model dan menambahkan kompartemen E (*Exposed*). Kompartemen tersebut ditujukan untuk mengakomodasi individu yang rentan terhadap virus influenza. Pada penelitian lainnya, menurut (Sinula et al., 2018) kompartemen *Infected* (I) dapat dibagi menjadi dua. Kelompok individu yang menularkan virus influenza dengan gejala (I_S) dan kelompok individu yang menularkan influenza tanpa gejala (I_N). Model SIR juga mampu memprediksi penyebaran COVID-19. Penelitian (Adikusumo & Susyanto, 2020), mampu menggambarkan secara sistematis pola eliminasi COVID-19 di Provinsi Yogyakarta. Penelitian tersebut memberi saran untuk menambahkan beberapa kompartemen supaya model yang terbentuk lebih prediktif. Penelitian lain tentang COVID yaitu dari (Sari & Arfi, 2021) yang memberikan kesimpulan bahwa covid-19 dapat dikendalikan dengan parameter tertentu. Parameter tersebut akan mempengaruhi bilangan reproduksi yang terbentuk.

Pemodelan matematika dengan model SIR memiliki banyak keunggulan dalam prediksi penyebaran penyakit menular. Penelitian ini menggunakan model SIR dalam memodelkan penyebaran penyakit demam berdarah

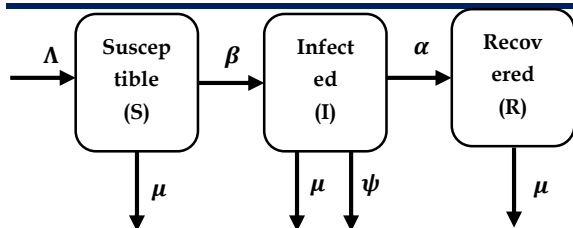
(DBD) yang dikhususkan pada regional Madiun Raya. Data yang diperoleh adalah data sekunder yang diambil dari Badan Pusat Statistik Kabupaten Madiun dan Kota Madiun. Pemodelan dengan data tersebut diolah dengan *software* MATLAB dan tools ode45.

Metode

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah pemodelan matematika dengan model SIR. Model SIR telah digunakan oleh banyak peneliti dalam meneliti suatu penyebaran penyakit menular. Dalam buku (Castillo-Chavez & Brauer, 2012) dijelaskan mengenai fleksibilitas model SIR sebagai pemodelan dengan berbagai kasus. Tahapan dalam penelitian ini diawali dari pengolahan data dengan *software* MATLAB tools ode45 dan diakhiri dengan interpretasi hasil sebagai bentuk kesimpulan.

Hasil dan Pembahasan

Penelitian berikut difokuskan pada data penyebaran penyakit demam berdarah regional Madiun Raya pada tahun 2020-2022. Populasi dalam lokasi penelitian dibagi menjadi tiga kompartemen yang saling asing yaitu Susceptible (S), Infected (I), dan Recovered (R). Lebih lanjut, disajikan Diagram Transisi berikut pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram Transisi Penyebaran Demam Berdarah

Keterangan:

Simbol	Deskripsi
Λ (Lambda)	Jumlah Kelahiran dalam Populasi
β (Beta)	Tingkat infeksi Baru Demam Berdarah dalam Populasi
α (Alpha)	Tingkat Kesembuhan dari Demam Berdarah dalam Populasi
μ (mu)	Tingkat Kematian Alami
ψ (psi)	Tingkat Kematian karena Demam Berdarah

Selanjutnya, dari Diagram transisi diatas akan dibentuk Sistem Persamaan Diferensial,

Equation 1. Sistem Persamaan Diferensial 1

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \Lambda - \beta SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \alpha I - \mu I - \psi I \\ \frac{dR}{dt} &= \alpha I - \mu R\end{aligned}$$

Seluruh variabel dan parameter yang terlibat pada Sistem tersebut diasumsikan bernilai positif atau sama dengan 0. Sistem Persamaan Diferensial diatas terdefinisi pada daerah fisibel $\mathcal{D} = \{S, I, R \in \mathbb{R}^3 | S + I + R \leq \frac{\Lambda}{\mu}; S, I, R \geq 0\}$.

Selanjutnya, dalam proses menghitung titik ekuilibrium bebas penyakit (*disease-free equilibrium*) akan ditentukan terlebih dahulu nilai $I = 0$ dan selanjutnya titik ekuilibrium bebas penyakit diperoleh jika masing-masing

persamaan pada Sistem Persamaan Diferensial dibuat sama dengan nol.

$$\text{Jika } \frac{dS}{dt} = 0 \text{ maka diperoleh } S = \frac{\Lambda}{\mu},$$

lebih lanjut ketika $\frac{dI}{dt} = 0$ dan $\frac{dR}{dt} = 0$ akan diperoleh $I = 0$ dan $R = 0$. Akibatnya, diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit $TE_0 = (S, I, R) = (\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0)$. Titik Ekuilibrium bebas penyakit TE_0 terdefinisi pada daerah \mathcal{D} .

Berikutnya, untuk menyelidiki potensi penyebaran penyakit maka akan digunakan nilai ambang yang disebut Bilangan reproduksi (Van Den Driessche & Watmough, 2002). Bilangan Reproduksi akan ditentukan dengan metode Next Generation Matrix (NGM) (Castillo-Chavez & Brauer, 2012).

Misalkan, Sistem Persamaan Diferensial dapat ditulis

$$X = (I, R, S)^T = (\beta SI - (\alpha + \mu + \psi)I, \alpha I - \mu R, \Lambda - \beta SI - \mu S)$$

dan selanjutnya

$$X = \mathcal{F}(x) - \mathcal{V}(x),$$

dengan \mathcal{F} sebagai matriks yang memiliki elemen infeksi penyakit baru dan \mathcal{V} sebagai matriks yang tidak memiliki elemen infeksi penyakit baru.

$$\mathcal{F}(x) = \begin{bmatrix} \beta SI \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}(x) = \begin{bmatrix} (\alpha + \mu + \psi)I \\ \mu R - \alpha I \\ \beta SI + \mu S - \Lambda \end{bmatrix}$$

Selanjutnya, akan dicari jacobian matriks \mathcal{F} dan \mathcal{V} dengan melakukan substitusi Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit (TE_0), diperoleh



$$DF(TE_0) = \begin{bmatrix} \frac{\beta\Lambda}{\mu} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } DV(TE_0) = \begin{bmatrix} \alpha + \mu + \psi & 0 & 0 \\ -\alpha & \mu & 0 \\ \frac{\beta\Lambda}{\mu} & 0 & \mu \end{bmatrix}$$

Matriks Jacobian diatas dapat dipartisi menjadi

$$DF(TE_0) = \begin{bmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } DV(TE_0) = \begin{bmatrix} J & 0 \\ V_1 & V_2 \end{bmatrix}$$

Dengan,

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\beta\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } V = \begin{bmatrix} \alpha + \mu + \psi & 0 \\ -\alpha & \mu \end{bmatrix}$$

Kemudian, akan dicari radius spectral (ρ) dari matriks FV^{-1} ,

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta\Lambda}{\mu(\alpha + \mu + \psi)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Akibatnya,

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{\beta\Lambda}{\mu(\alpha + \mu + \psi)}$$

Titik ekuilibrium bebas penyakit $TE_0 = (\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0)$ bersifat stabil asimtotik jika $R_0 <$

1 dan bersifat tidak stabil $R_0 > 1$ (Van Den Driessche & Watmough, 2002).

a. Analisis Numerik

Pada bagian ini akan dilakukan analisa numerik model SIR dengan data penyebaran penyakit malaria di Madiun pada tahun 2020-2022. Data sekunder yang diambil adalah data dari Badan Pusat Statistik Kab. Madiun 2020-2022. Data yang disajikan pada Tabel 1 adalah data yang menampilkan jumlah penduduk dan angka kelahiran dan kematian di kota Madiun.

Tabel 1 menunjukkan persebaran penduduk di Kabupaten dan Kota Madiun. Dari tabel tersebut dapat diolah untuk mendapatkan proporsi Kelahiran alami (Λ) dengan cara membagi jumlah kelahiran dengan jumlah kecamatan di kabupaten dan kota madiun. Sedangkan untuk tingkat kematian (μ) diperoleh dengan cara membagi jumlah kematian dengan total penduduk (Putri et al., 2022).

Tabel 1. Tabel Kependudukan BPS Madiun 2020-2022

Tahun	Kelahiran Penduduk (Jiwa)	Kematian Penduduk (Jiwa)	Total Penduduk (Jiwa)
2020	5885	4582	196971
2021	6658	4656	199912
2022	6844	4256	201460

Tabel 2. Tabel Penyebaran Demam Berdarah BPS 2020-2022

Tahun	Infeksi Demam Berdarah (Jiwa)	Kematian Karena Infeksi Demam Berdarah (Jiwa)
2020	244	6
2021	359	5
2022	484	5



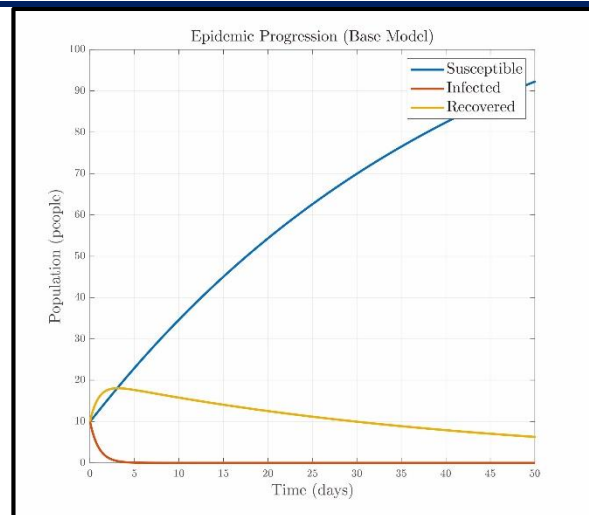
Tabel 2 menunjukkan persebaran infeksi demam berdarah dan kematian yang disebabkan oleh demam berdarah. Dari tabel diatas dapat diperoleh tingkat infeksi baru demam berdarah (β) dengan cara membagi total infeksi demam berdarah dengan total populasi kota dan kabupaten madiun. Selanjutnya, untuk memperoleh tingkat kesembuhan (α) dan kematian (ψ) demam berdarah diperoleh dengan membagi jumlah kesembuhan dan kematian dengan total infeksi demam berdarah.

Pengolahan data diatas diperoleh parameter-parameter yang digunakan dalam model.

Tabel 3. Tabel Parameter untuk Sistem Persamaan Diferensial 1

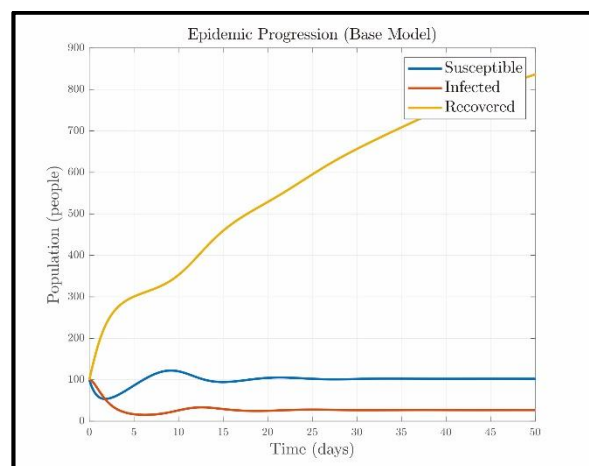
Parameter	Nilai	Satuan
Λ	300	Jiwa
β	0,001	1/orang
α	0,975	1/orang
μ	0,023	1/orang
ψ	0,025	1/orang

Selanjutnya dengan *software* MATLAB dan tools ode45, diperoleh simulasi numerik dengan melibatkan beberapa nilai parameter.



Gambar 2 Trayektori Sistem 1 dengan $R_0 < 1$

Pada gambar 1 melibatkan nilai-nilai parameter yang menghasilkan nilai $R_0 = 0,1275$. Karena nilai $R_0 < 1$ maka titik ekuilibrium bebas penyakit (*Disease-free equilibrium*) stabil asimtotik. Hal itu memiliki interpretasi yaitu ketika nilai parameter yang terlibat dipertahankan pada angka $R_0 < 1$ maka infeksi penyakit demam berdarah akan menghilang dengan sendirinya.

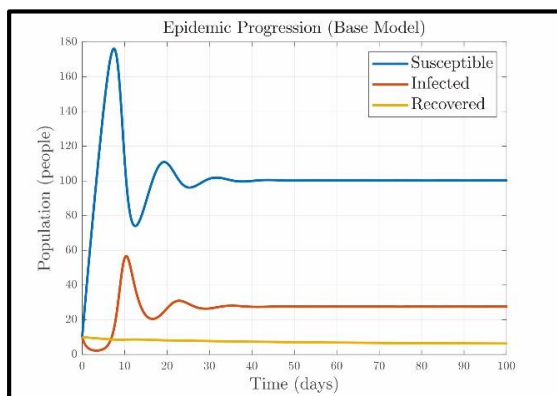


Gambar 3. Trayektori Sistem 1 dengan $R_0 < 1$ dan nilai parameter $\alpha = 0,975$

Pada gambar selanjutnya, terdapat perubahan nilai parameter. Simulasi



yang ditunjukkan gambar 2 menggunakan nilai infeksi baru (β) sebesar 0,01, hal tersebut memperbesar peluang infeksi baru. Selain itu, angka kesembuhan (α) juga diperbesar menjadi 0,975. Ditinjau dari gambar 2, trayektori untuk kompartemen R (Recovered) bergerak secara monoton linier dan memiliki gradien positif.



Gambar 4. Trayektori Sistem 1 dengan $R_0 < 1$ dan nilai parameter $\alpha = 0,005$

Pada gambar selanjutnya, beberapa angka parameter dimodifikasi. Parameter tingkat kesembuhan (α) diubah menjadi 0,005 dan secara bersamaan parameter kematian karena infeksi penyakit (ψ) dibuat menjadi 0,995. Hal ini berarti, tingkat kesembuhan yang kecil menyebabkan angka kematian karena infeksi demam berdarah bertambah besar. Dari gambar tersebut, trayektori kompartemen Susceptible (S) dan Infected (I) bergerak dinamis dan pada waktu tertentu bergerak konstan. Untuk trayektori Recovered (R), bergerak monoton ke bawah menuju nilai nol.

Simpulan

Pola penyebaran infeksi demam berdarah dalam suatu populasi dapat ditentukan dengan banyak sudut pandang. Dalam ilmu matematika, pola penyebaran demam berdarah dapat diketahui dengan pendekatan model SIR. Ide dari model SIR ini adalah membagi satu populasi dengan tiga kompartemen yaitu Susceptible (S), Infected (I) dan Recovered (R). Kemudian ditentukan parameter perpindahan antar kompartemen dengan basis data riil yang diperoleh dari pemerintah.

Pola penyebaran infeksi penyakit demam berdarah yang terjadi di Madiun memiliki nilai $R_0 = 0,1275$. Nilai R_0 yang kurang dari 1 memiliki arti bahwa penyakit demam berdarah tidak akan meluas secara endemic atau dengan kata lain penyakit demam berdarah akan menghilang dengan sendirinya pada waktu tertentu. Permasalahan lain yang bisa ditinjau dari penyebaran infeksi penyakit demam berdarah adalah keterlibatan dua populasi dengan radius tertentu. Perpindahan individu dari satu populasi ke populasi lain mengakibatkan penyebaran demam berdarah semakin luas.

Daftar pustaka

Abdul Nasir Zakaria, G., Mahalle, S., Zaiham Midawati Abdullah, N., Afifuddin Ghazali, M., Nuramalia, M., & Hassanal Bolkia, S. (2022). Burnout and Job Satisfaction Among Islamic Religious



- Knowledge Teachers in Brunei Darussalam. *Indonesian Journal on Learning and Advanced Education (IJOLAE)*, 5(1), 92–106. <https://doi.org/10.23917/IJOLAE.V5I1.19605>
- Adi-kusumo, F., & Susyanto, N. (2020). Model Berbasis Sir Dalam Prediksi Awal Penyebaran Covid-19 Di Daerah Istimewa Yogyakarta (DIY). *Jurnal Matematika Thales*, 02(01), 1–10.
- Afanin Zulfa, A., Martini, M., Udijono, A., Hestningsih, R., & Jayanti, S. (2021). Faktor yang Berhubungan dengan Kejadian Demam Berdarah Dengue (DBD) di Daerah Endemis Tinggi Kota Semarang. *Jurnal Riset Kesehatan Masyarakat*, 1(2), 1–9. <https://ejournal2.undip.ac.id/index.php/jrkm/index>
- Awaludin, A., Prayitno, H., & Haq, M. (2022). Using Digital Media During the COVID-19 Pandemic Era: Good Online Program in Higher Education. *Indonesian Journal on Learning and Advanced Education (IJOLAE)*, 5(1), 1–12. doi:<https://doi.org/10.23917/ijolae.v5i1.19574>
- Castillo-Chavez, C., & Brauer, F. (2012). *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology* (second). Springer.
- Chanprasopchai, P., Tang, I. M., & Pongsumpun, P. (2018). SIR Model for Dengue Disease with Effect of Dengue Vaccination. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2018. <https://doi.org/10.1155/2018/9861572>
- Enyasih, E., Trisnowati Putri, V., Lusida, N., Mallongi, A., Latifah, N., Fajrini, F., & SG, H. (2023). Analisis Variasi Iklim dengan Kejadian Demam Berdarah Dengue (DBD) di Kota Tangerang Selatan. *Jurnal Kedokteran Dan Kesehatan*, 19(01), 33–41. <https://jurnal.umj.ac.id/index.php/JKK>
- Fathoni, M. I. A. (2018). ANALISIS Model Matematika Penyebaran Penyakit H1N1 Dengan Tingkat Kejadian Tersaturasi. *Jurnal of Mathematics Education and Science*, 01(01), 29–33. <http://journal.unugiri.ac.id/index.php?journal=JaMES>
- Kharis, M., & Cahyono, A. N. (2015). Pemodelan Matematika Pada Epidemologi Influenza dengan Strategi Vaksinasi. *Jurnal MIPA*, 38(2), 176–185. <http://journal.unnes.ac.id/nju/index.php/JM>
- Launy Putri Sinula, A. (2018). Penyebaran Penyakit Influenza Tipe A (H1N1) Model $SEI_s I_n R$. *Jurnal Ilmiah Matematika*, 6(3).
- Lina, N., & Saraswati, D. (2020). Deteksi Dini Penyakit Jantung Koroner di Desa Kalimanggis dan Madiasari Kabupaten Tasikmalaya. *Warta LPM*, 23(1), 45–53. <https://journals.ums.ac.id/index.php/warta/article/view/9019>



- Putri, A. H., Samsudin, A., Purwanto, M. G., & Suhandi, A. (2022). Examination of Conceptual Change Research Over A Decade: A Bibliometric Analysis Using Science Mapping Tool. *Indonesian Journal on Learning and Advanced Education (IJOLAE)*, 4(3), 171–190. <https://doi.org/10.23917/IJOLAE.V4I3.18249>
- Sanusi, W., Badwi, N., Zaki, A., Sidjara, S., Sari, N., Pratama, M. I., & Side, S. (2021). Analysis and Simulation of SIRS Model for Dengue Fever Transmission in South Sulawesi, Indonesia. *Journal of Applied Mathematics*, 2021. <https://doi.org/10.1155/2021/2918080>
- 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://journal.itera.ac.id/index.php/indojam/>
- Sukohar, A. (2014). Demam Berdarah Dengue (DBD). *Fakultas Kedokteran Universitas Lampung Medula*, 2(2), 1–15.
- Susanti, A. A., Antika, A. A., Pratama, R., Pradana, F. G., Handayani, S., & Sutaryono, S. (2022). Implementasi dan Pengembangan Program Unggulan Kampung Iklim (Proklim) di Desa Kertonatan. *Buletin KKN Pendidikan*, 4(1), 58–68. <https://doi.org/10.23917/bkkndi.k.v4i1.19183>
- Susilawati, S. A., Ibrahim, M. H., Isa, N. K. binti M., Wahab, N. A., Musiyam, M., Herianto, A., & Rochayati, N. (2022). The Methodology of Developing the Urban Heat Island E-module on the Achievements and Collaboration Skills of High School Students in Surakarta. *Indonesian Journal on Learning and Advanced Education (IJOLAE)*, 4(2), 140–156. <https://doi.org/10.23917/IJOLAE.V4I2.16930>
- Van Den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180, 29–48. www.elsevier.com/locate/mbs