

Simulasi Model Epidemi *Discrete Time Markov Chain* (DTMC) SEIR dan SVEIR pada Penyebaran Penyakit *Monkeypox*

Elvin Agustiyon Nugroho*, Respatiwan, Yuliana Susanti

Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret

e-mail : elvinagustiyon26656@student.uns.ac.id

ABSTRAK

Monkeypox adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus dari hewan dan dapat menular ke manusia. Penularan terjadi melalui kontak langsung dengan darah, cairan, atau kulit hewan maupun individu yang terinfeksi. Penelitian ini bertujuan untuk memodelkan penyebaran penyakit *monkeypox* menggunakan model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR, serta membandingkan hasil simulasi dari kedua model tersebut. Model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR berupa probabilitas transisi yang menggambarkan perubahan individu dari *state i* menuju *state j*. Parameter yang digunakan adalah laju vaksinasi (ρ), laju kegagalan vaksinasi (ω), laju penularan (β), laju terinfeksi (σ), dan laju penyembuhan (γ). Hasil simulasi DTMC SVEIR menunjukkan bahwa epidemi berakhir lebih cepat, yaitu berakhir pada hari ke-316, karena vaksinasi memberikan imunitas tambahan sehingga individu *vaccinated* (V) terhindar dari penyebaran penyakit *monkeypox*. Pada model DTMC SEIR epidemi berakhir lebih lama, yakni pada hari ke-607.

Kata kunci: epidemi, *monkeypox*, DTMC, SVEIR, SEIR

ABSTRACT

Monkeypox is a contagious disease caused by a virus originating from animals and can be transmitted to humans. Transmission occurs through direct contact with the blood, fluids, or skin of infected animals or individuals. This study aims to model the spread of monkeypox using the DTMC SEIR and DTMC SVEIR models, and to compare the simulation results of both models. The DTMC SEIR and DTMC SVEIR models consist of transition probabilities that describe the change of individuals from state *i* to state *j*. The parameters used include vaccination rate (ρ), vaccination failure rate (ω), transmission rate (β), infection rate (σ), and recovery rate (γ). The results of the DTMC SVEIR simulation indicate that the epidemic ends more quickly, specifically on day 316, because vaccination provides additional immunity, allowing vaccinated individuals (V) to avoid the spread of monkeypox. In contrast, the DTMC SEIR model shows that the epidemic lasts longer, concluding on day 607.

Keywords: epidemic, *monkeypox*, vaccination, DTMC, SVEIR, SEIR

PENDAHULUAN

Kesehatan adalah harapan bagi setiap makhluk hidup, kondisi fisik yang melemah dapat memicu timbulnya penyakit berdampak pada penurunan produktivitas. Penyakit digolongkan menjadi dua jenis, yaitu penyakit tidak menular dan penyakit menular. Penyakit menular berbahaya karena dapat menyebabkan epidemi, pola penyebaran penyakit dalam epidemi dapat dianalisis menggunakan model matematika (Hethcote, 2008).

Model epidemi terdiri dari beberapa jenis model seperti *susceptible infected* (SI), *susceptible infected susceptible* (SIS), dan *susceptible infected recovered* (SIR) dengan setiap model memiliki pola penyebaran yang berbeda (Allen, 2008). Model SIR pertama kali ditemukan oleh Kermack & McKendrick pada tahun 1927, model SIR mengelompokkan populasi menjadi tiga kelompok, yaitu *Susceptible* yang merupakan kelompok individu rentan, *Infected* merupakan kelompok individu terinfeksi, dan *Recovered* yang merupakan kelompok individu sembuh. Castellini & Romanelli (2000) menggambarkan penyebaran penyakit pada model SIR dimulai dari kelompok individu *Susceptible* yang melakukan kontak langsung dengan individu terinfeksi, sehingga individu *Susceptible* terjangkit penyakit, kemudian individu terinfeksi yang dapat bertahan akan sembuh dan berpindah menuju kelompok *Recovered*.

Penelitian yang dilakukan oleh Eliska (2021) membahas mengenai model epidemi CTMC SVEIR pada penyebaran penyakit rubella. Hasil penelitian ini adalah probabilitas transisi untuk model CTMC SVEIR dan simulasi numerik. Berdasarkan simulasi numerik, semakin tinggi efektivitas vaksin dan proporsi vaksin, maka epidemi dapat berakhir semakin cepat

Menurut laman web *Centers for Disease Control and Prevention* (2024) *monkeypox* merupakan penyakit yang disebabkan virus yang berasal dari hewan dan dapat ditularkan ke manusia. Gejala *monkeypox* meliputi demam, sakit kepala, nyeri otot, serta ruam yang menyebar di seluruh badan. Penghentian vaksinasi cacar pada tahun 1980 menyebabkan penurunan kekebalan populasi terhadap virus *orthopoxvirus*, yang berujung pada peningkatan kasus *monkeypox* selama dua tahun terakhir di Republik Demokratik Kongo. (Rimoin et al., 2010). *Monkeypox* kembali menyebar pada tahun 2022 di beberapa negara Kawasan Afrika, seiring dengan meningkatnya penyebaran penyakit *monkeypox*, wabah tersebut dinyatakan sebagai keadaan darurat Kesehatan masyarakat dan menjadi perhatian internasional (World Health Organization., 2024).

Penelitian ini membahas mengenai model epidemi stokastik DTMC SVEIR dan membandingkan hasil simulasi antara model DTMC SVEIR dan DTMC SEIR dalam penyebaran penyakit *monkeypox*.

METODE

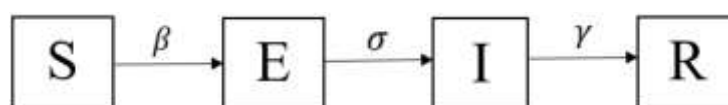
Penelitian ini menggunakan metode studi literatur dengan meninjau penelitian sebelumnya sebagai dasar untuk memahami teori-teori yang memperkuat rumusan masalah. Metode ini juga digunakan untuk menurunkan, menyimulasikan, dan membandingkan model *Discrete Time Markov Chain* (DTMC) SEIR dan SVEIR. Tahapan yang dilakukan dalam menyimulasikan model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR adalah sebagai berikut:

1. Menurunkan model epidemi DTMC SEIR dan DTMC SVEIR pada penyakit *monkeypox* terdiri dari:
 - a. Menentukan asumsi-asumsi parameter model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR,
 - b. Menentukan parameter dan variabel model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR,
 - c. Menentukan probabilitas transisi model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR.
2. Menyimulasikan dan membandingkan model epidemi DTMC SEIR dan DTMC SVEIR serta menginterpretasikan kedua model dilakukan dengan:
 - a. Menetapkan nilai parameter laju vaksinasi (ρ), laju kegagalan vaksin (ω), laju penularan (β), laju infeksi (σ), dan laju penyembuhan (γ),
 - b. Menentukan jumlah populasi awal masing-masing kelompok individu,
 - c. Membangkitkan data dengan menggunakan distribusi uniform diskrit,
 - d. Membuat plot jumlah individu dalam setiap kelas pada waktu ke-t menggunakan data yang telah dibangkitkan dengan distribusi uniform diskrit,
 - e. Menginterpretasikan hasil simulasi yang didapatkan,
 - f. Membandingkan plot model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR pada pola penyebaran penyakit *monkeypox*.

HASIL

a. Model Epidemi DTMC SEIR

Model epidemi DTMC SEIR merupakan model matematis mengenai pola penyebaran penyakit yang membagi populasi menjadi 4 kelompok yaitu *Susceptible* (S), *Exposed* (E), *Infected* (I), dan *Recovered* (R). (Kermack & McKendrick, 1927).



Gambar 1. Pola Penyebaran Penyakit pada Model SEIR

Berdasarkan Gambar 1 penyebaran penyakit dimulai ketika individu *susceptible* beralih menuju kelompok *exposed* setelah melakukan kontak langsung dengan individu *infected*. Setelah melewati masa inkubasi, individu *exposed* berpindah menuju kelompok *infected*, individu *infected* yang sembuh akan berpindah kedalam kelompok *recovered*. Menurut Kholisoh (2012) asumsi-asumsi yang digunakan dalam model epidemi SEIR adalah sebagai berikut:

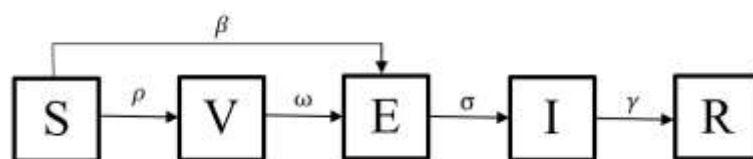
1. Populasi konstan
2. Populasi tertutup
3. Laju kelahiran dan laju kematian diabaikan
4. Populasi homogen
5. Hanya terdapat satu penyakit yang menyebar dalam populasi

Populasi diasumsikan konstan dengan sejumlah N , banyaknya kelompok *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovered* dalam waktu ke- t dinyatakan sebagai $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Variabel $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ merupakan variabel random independen sedangkan $R(t)$ diperoleh dengan $R(t) = N - S(t) - E(t) - I(t)$. Berdasarkan Putri (2023), model epidemi DTMC SEIR dapat dituliskan dalam persamaan (1)

$$p_{(s+j,e+l,i+k),(s,e,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (j, l, k) = (-1, 1, 0), \\ \sigma e \Delta t, & (j, l, k) = (0, -1, 1), \\ \gamma i \Delta t, & (j, l, k) = (0, 0, -1), \\ 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \sigma e + \gamma i \right] \Delta t, & (j, l, k) = (0, 0, 0), \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (1)$$

b. Model Epidemi DTMC SVEIR

Model epidemi SVEIR adalah pengembangan dari model epidemi SEIR. Pola penyebaran penyakit pada model SVEIR hampir identik dengan model SEIR dengan perbedaan utama terletak pada keberadaan kelompok *vaccinated*, yaitu kelompok individu rentan yang mendapatkan perlakuan vaksinasi guna menekan angka penyebaran wabah penyakit. Pola penyebaran model epidemi SVEIR ditunjukkan pada Gambar 2.



Gambar 2. Pola Penyebaran Penyakit pada Model SVEIR

Menurut Zhou et al. (2024) dalam model epidemi SVEIR terdapat lima kelompok populasi yaitu *Susceptible* (S), *Vaccinated* (S), *Exposed* (E), *Infected* (I), dan *Recovered* (R). masing-masing dinyatakan sebagai $S(t)$, $V(t)$, $E(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Sehingga N dapat dinyatakan $N = S(t) + V(t) + E(t) + I(t) + R(t)$.

Besar perubahan jumlah individu kelompok *Susceptible* (S) pada selang waktu Δt adalah j , besar perubahan jumlah individu kelompok *Vaccinated* (V) pada selang waktu Δt adalah k , besar perubahan jumlah individu kelompok *Exposed* (E) pada selang waktu Δt adalah l , besar perubahan jumlah individu kelompok *Infected* (I) pada selang waktu Δt adalah m . Probabilitas transisi s menuju $s + j$, v menuju $v + k$, e menuju $e + l$, dan i menuju $i + m$ dalam interval waktu Δt dinyatakan dalam persamaan (2)

$$P_{(s+j,v+k,e+l,i+m),(s,v,e,i)}(\Delta t) = P\{(S(t + \Delta t) = s + j, V(t + \Delta t) = v + k, E(t + \Delta t) = e + l, I(t + \Delta t) = i + m) | (S(t) = s, V(t) = v, E(t) = e, I(t) = i)\} \quad (2)$$

Ketika individu *susceptible* menerima vaksinasi, individu tersebut akan berpindah menuju kelompok *vaccinated*. Proses ini menyebabkan transisi dari state (s,v,e,i) menuju state $(s-1,v+1,e,i)$ dengan besar laju vaksinasi (ρ) dinyatakan dalam persamaan (3)

$$P_{(s-1,v+1,e,i),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \rho s \Delta t \quad (3)$$

Ketika proses vaksin gagal, kemudian kelompok *vaccinated* melakukan kontak langsung dengan individu *infected*, maka individu *vaccinated* tersebut akan tertular virus dan berpindah menuju kelompok *exposed*. Proses ini menyebabkan transisi dari state (s,v,e,i) menuju state $(s,v-1,e+1,i)$. Jika terdapat sebanyak i individu dalam populasi N , maka probabilitas individu *infected* melakukan kontak langsung dengan individu *vaccinated* adalah $\frac{i}{N}$, dinyatakan dalam persamaan (4)

$$P_{(s,v-1,e+1,i),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \omega \frac{i}{N} v \Delta t \quad (4)$$

Ketika individu kelompok *susceptible* melakukan kontak langsung dengan individu *infected* dan tertular penyakit. Individu *susceptible* akan berpindah menuju kelompok *exposed*. Proses ini menyebabkan transisi dari state (s,v,e,i) menuju state $(s-1,v,e+1,i)$. Jika terdapat i individu dalam populasi N , maka probabilitas individu *infected* melakukan kontak langsung dengan individu *susceptible* adalah $\frac{i}{N}$, dinyatakan dalam persamaan (5)

$$P_{(s,v-1,e+1,i),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \beta \frac{i}{N} s \Delta t \quad (5)$$

Individu *exposed* yang sudah selesai menghadapi masa inkubasi akan berpindah menuju kelompok *infected*. Proses ini menyebabkan transisi dari state (s,v,e,i) menuju state $(s,v,e-1,i+1)$ dengan besar laju penularan dilambangkan dengan (σ) dinyatakan dalam persamaan (6)

$$P_{(s,v,e-1,i+1)(s,v,e,i)}(\Delta t) = \sigma e \Delta t \quad (6)$$

Ketika individu *infected* sembuh, maka individu tersebut akan berpindah menuju kelompok *recovered*. Proses ini menyebabkan transisi dari state (s,v,e,i) menuju state $(s,v,e,i-1)$ dengan laju penyembuhan dilambangkan dengan (γ) dinyatakan dalam persamaan (7)

$$P_{(s,v,e,i-1)(s,v,e,i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t \quad (7)$$

Ketika tidak ada perubahan individu pada masing-masing kelompok, berarti tidak terjadi transisi state sehingga probabilitas transisinya dinyatakan dalam persamaan (8)

$$P_{(s,v,e,i)(s,v,e,i)}(\Delta t) = 1 - \left[\rho s + \alpha v + \omega \frac{i}{N} v + \beta \frac{i}{N} s \Delta t + \sigma e + \gamma i \right] \Delta t \quad (8)$$

Probabilitas transisi terjadi dalam interval waktu yang sangat kecil sehingga hanya ada satu perubahan status yang ber[indah. Probabilitas transisidengan lebih dari satu individu yang berpindah dalam interval waktu Δt adalah nol. Probabilitas transisi dari model epidemi DTMC SVEIR yang dibentuk berdasarkan persamaan (2), (3), (4), (5), (6), (7), dan (8), dapat dinyatakan dalam persamaan (9) berikut:

$$P_{(s+j,v+k,e+l,i+m)(s,v,e,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \rho s \Delta t & (j,k,l,m) = (-1,1,0,0) \\ \omega \frac{i}{N} v \Delta t & (j,k,l,m) = (0, -1, 1, 0) \\ \beta \frac{i}{N} s \Delta t & (j,k,l,m) = (-1, 0, 1, 0) \\ \sigma e \Delta t & (j,k,l,m) = (0, 0, -1, 1) \\ \gamma i \Delta t & (j,k,l,m) = (0, 0, 0, -1) \\ 1 - r & (j,k,l,m) = (0, 0, 0, 0) \\ 0, & \text{yang lain} \end{cases} \quad (9)$$

dengan $r = \left[\rho s + \omega \frac{i}{N} v + \beta \frac{i}{N} s + \sigma e + \gamma i \right] \Delta t, S(0) > 0, V(0) > 0, E(0) > 0, I(0) > 0, R(0) \geq 0$, serta nilai-nilai parameter bernilai positif.

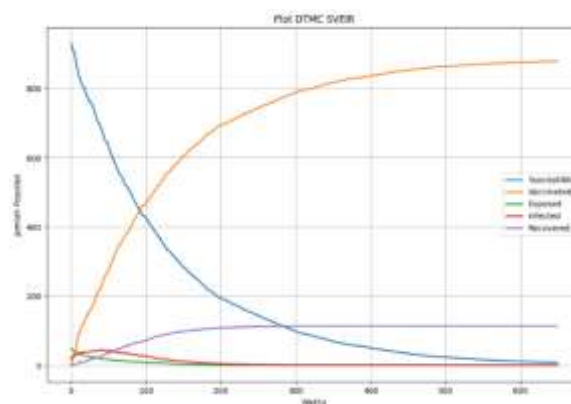
- c. Simulasi Model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR pada penyebaran penyakit *monkeypox* serta menginterpretasikannya.

Simulasi dilakukan dengan menetapkan jumlah individu dalam setiap kelompok pada waktu $t=0$. Populasi konstan yang digunakan dalam simulasi ini dengan $N = 1.000$, $S(0) = 910$, $V(0) = 0$, $E(0) = 55$, $I(0) = 35$, dan $R(0) = 0$ serta $t = 600$. Nilai parameter laju vaksinasi (ρ), laju kegagalan vaksin (ω), dan laju infeksi (σ) ditentukan berdasarkan pada asumsi untuk simulasi model epidemi DTMC SEIR dan DTMC SVEIR. Sementara itu, parameter laju penularan (β) didapatkan dengan merujuk dari penelitian Al-Shomrani *et. al* (2023). Sedangkan parameter laju penyembuhan (γ) didapatkan dengan merujuk dari penelitian Yuan *et. al* (2022). Tabel 1. menyatakan parameter yang digunakan dalam simulasi.

Tabel 1. Nilai Awal Parameter Simulasi Model Epidemi DTMC SVEIR

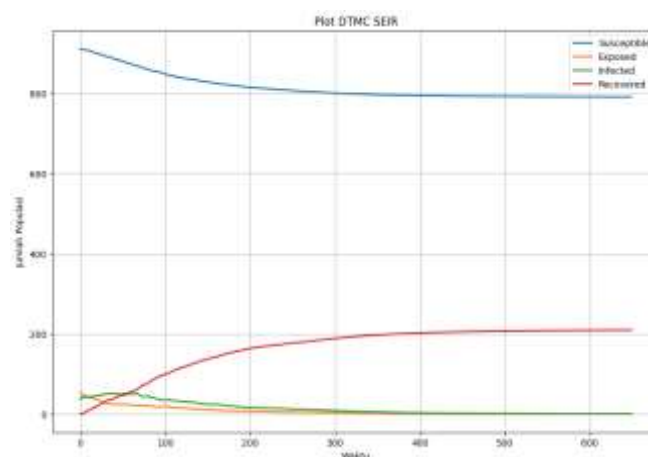
Parameter	Keterangan	Nilai	Satuan
ρ	Laju Vaksinasi	$1,3969 \times 10^{-2}$	individu per hari
ω	Laju Kegagalan Vaksin	$2,9934 \times 10^{-4}$	individu per hari
β	Laju Penularan	3×10^{-2}	individu per hari
σ	Laju Infeksi	$7,6923 \times 10^{-2}$	individu per hari
γ	Laju Penyembuhan	$4,76 \times 10^{-2}$	individu per hari

Gambar 3 menyatakan hasil simulasi model epidemi DTMC SVEIR pada penyebaran penyakit monkeypox dengan menggunakan nilai parameter yang tercantum pada Tabel 1.



Gambar 3. Grafik Model Epidemi DTMC SVEIR pada Penyebaran Penyakit *Monkeypox*

Berdasarkan simulasi yang dilakukan terlihat bahwa jumlah individu *susceptible* mengalami penurunan signifikan yang disebabkan oleh tingginya dosis vaksin yang diberikan sehingga individu *susceptible* berpindah menuju kelompok *vaccinated*. Jumlah individu *infected* mengalami kenaikan hingga mencapai puncak pada hari ke-45 dengan 44 kasus terinfeksi, kemudian menurun hingga mendekati nol pada hari ke-316. Sementara itu, jumlah individu *recovered* meningkat sejak awal periode, akibat dari individu *infected* yang sembuh dan berpindah menuju kelompok *recovered*. Berdasarkan hasil simulasi, dapat disimpulkan bahwa epidemi *monkeypox* berakhir pada hari ke-316 ketika tidak ada individu yang terinfeksi.



Gambar 4. Grafik Model Epidemi DTMC SEIR pada Penyebaran Penyakit *Monkeypox*

Berdasarkan simulasi yang dilakukan terlihat bahwa jumlah individu *susceptible* mengalami penurunan yang disebabkan oleh kontak langsung dengan individu *infected* sehingga tertular penyakit. Jumlah individu *infected* mengalami kenaikan hingga mencapai puncak pada hari ke-43 dengan 52 kasus terinfeksi, kemudian menurun hingga mendekati nol pada hari ke-607. Sementara itu, jumlah individu *recovered* meningkat sejak awal periode, akibat dari individu *infected* yang sembuh dan berpindah menuju kelompok *recovered*. Berdasarkan hasil simulasi, dapat disimpulkan bahwa epidemi *monkeypox* berakhir pada hari ke-607 ketika jumlah kasus terinfeksi mendekati nol.

PEMBAHASAN

Hasil kedua simulasi yang dilakukan, dapat disimpulkan bahwa vaksinasi efektif dalam mengatasi epidemi penyakit *monkeypox*. Hal ini terlihat dari jumlah kasus terinfeksi dalam simulasi menggunakan vaksinasi, di mana penurunan jumlah kasus terjadi lebih cepat

dibandingkan dengan simulasi tanpa vaksinasi. Individu yang mendapatkan perlakuan vaksinasi memperoleh imunitas tambahan sehingga memiliki kemungkinan lebih tinggi untuk terhindar dari penyebaran penyakit *monkeypox*.

Pada populasi yang divaksin, epidemi berakhir pada hari ke-305, jauh lebih singkat dibandingkan simulasi tanpa vaksin, di mana epidemi berakhir pada hari ke-552. Hasil penelitian menunjukkan dampak perlakuan signifikan dalam menanggulangi penyebaran penyakit *monkeypox*, sejalan dengan penelitian Eliska (2021) yang juga menekankan pentingnya efektivitas vaksin dan proporsi vaksin dalam mempercepat berakhirnya epidemi. Kebaruan dari penelitian ini terletak pada penyakit yang diamati, yaitu *monkeypox*, serta membandingkan antara model DTMC SEIR dan DTMC SVEIR.

SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan, dapat disimpulkan bahwa model epidemi DTMC SEIR dan DTMC SVEIR dinyatakan dalam bentuk probabilitas transisi yang ditunjukkan dalam persamaan (1) dan (9). Pada simulasi model DTMC SVEIR ditemukan bahwa epidemi berakhir pada hari ke-316. Sedangkan pada model DTMC SEIR menunjukkan bahwa epidemi berakhir lebih lama, yaitu 607 hari. Perlakuan vaksin terbukti efektif dalam meningkatkan imun dan menekan angka penyebaran penyakit, sehingga individu *infected* menurun dan epidemi dapat diakhiri lebih cepat. Penambahan perlakuan lain seperti karantina, dapat digunakan sebagai perbandingan dengan perlakuan vaksinasi untuk menentukan mana yang lebih efektif dalam menekan penyebaran penyakit *monkeypox*. Selain itu, faktor-faktor lain yang mempengaruhi penyebaran penyakit juga bisa dijadikan asumsi tambahan dalam penelitian di masa mendatang.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, J. (2008). *An Introduction to Stochastic Epidemic Models-Part I*. University of Texas: Department of Mathematics and Statistics.
- Al-Shomrani, M. M., Musa, S. S., & Yusuf, A. (2023). Unfolding the transmission dynamics of monkeypox virus: *An epidemiological modelling analysis*. *Mathematics*, 11(5), 1121. <https://doi.org/10.3390/math11051121>
- Castellini, H., & Romanelli, L. (2000). *On the propagation of social epidemics in social networks under S . I . R . model* . 1–10.
- C. for D. C. and. (2024). *Mpox: About mpox. In disease*. <https://www.cdc.gov/mpox/about/index.html>
- Eliska, N., Sumarno, H., & Sianturi, P. (2021). Analisis Model Epidemik SVEIR dengan Continuous Time Markov Chain (CTMC) pada Penyakit Rubella. *BAREKENG: Jurnal*

- Ilmu Matematika dan Terapan, 15(3), 591–600.
<https://doi.org/10.30598/barekengvol15iss3pp591-600>
- Hethcote, H. W. (2008). The basic epidemiology models: Models, expressions for R_0 , parameter estimation, and applications. *Mathematical Understanding Of Infectious Disease Dynamics*, 1–61. https://doi.org/10.1142/9789812834836_0001
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London.*, 115(772), 700–721.
- Putri, E. P., Wulan, R., & Susanti, Y. (2023, April). Simulasi Model Epidemi Discrete Time Markov Chain Susceptible Exposed Infected Recovered (DTMC SEIR) pada Penyebaran Penyakit Campak. In SEMINAR NASIONAL LPPM UMMAT (Vol. 2, pp. 659-668).
- Rimoin, A. W., Mulembakani, P. M., Johnston, S. C., Lloyd Smith, J. O., Kisalu, N. K., Kinkela, T. L., Blumberg, S., Thomassen, H. A., Pike, B. L., Fair, J. N., Wolfe, N. D., Shongo, R. L., Graham, B. S., Formenty, P., Okitolonda, E., Hensley, L. E., Meyer, H., Wright, L. L., & Muyembe, J. J. (2010). Major increase in human monkeypox incidence 30 years after smallpox vaccination campaigns cease in the Democratic Republic of Congo. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107(37), 16262–16267. <https://doi.org/10.1073/pnas.1005769107>
- World Health Organization. (2024). Smallpox and mpox (orthopoxviruses): Vaccine position paper. *Vaccine*, 34(SUPPL. 4), 429–456.
<https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2011.06.080.Fenner>
- Yuan, P., Tan, Y., Yang, L., Aruffo, E., Ogden, N. H., Belair, J., Heffernan, J., Arino, J., Watmough, J., Carabin, H., & others. (2022). Assessing transmission risks and control strategy for monkeypox as an emerging zoonosis in a metropolitan area. *Journal of Medical Virology*, 95(1).