



Dinamika Model Penyebaran HIV/AIDS Tipe SIA (*Susceptible-Infected-AIDS Cases*) Termodifikasi dengan Pengobatan

(*Dynamics of a Modified SIA (Susceptible-Infected-AIDS) Model for HIV/AIDS Transmission with Treatment*)

Mirda Prisma Wijayanto

Program Studi Fisika, FMIPA, Universitas Jenderal Soedirman, Purwokerto, Indonesia, 53122

*Corresponding author: mirda.wijayanto@unsoed.ac.id

Received 16-03-2025, Revised 23-03-2025, Accepted 30-03-2025, Published 30-03-2025

Keywords:
Dynamics,
HIV/AIDS,
medication.

ABSTRACT. HIV/AIDS is one of the deadliest infectious diseases in the world. This disease is caused by HIV (*Human Immunodeficiency Virus*) infection that attacks the immune system. With the increasing number of HIV/AIDS cases in recent years, research related to modeling the HIV/AIDS transmission needs to be done. This research has studied the dynamics of the HIV/AIDS transmission in Indonesia using the SIA (Susceptible-Infected-AIDS cases) mathematical model modified by adding the rate of treatment and the treatment efficacy. The purpose of this study is to determine the reproduction number and analyze the stability of the model. In the SIA model there are three subpopulations, namely S (Susceptible), I (Infected), and A (AIDS cases). It is assumed that the population is closed, so the total population is constant. The research parameters include natural birth rate, natural death rate, AIDS death rate, rate of change of S individuals to I, rate of change of I individuals to A, treatment rate, and treatment efficacy. The study begins by determining the reproductive number of the model, which describes the level of disease spread in a population. Using the parameter values obtained from fitting the data of HIV/AIDS case reports in Indonesia in the second quarter of 2022 by the Ministry of Health, we obtained a reproduction number of 0.03. Since this value is less than 1, there is a possibility that HIV/AIDS will disappear from the population in the future. Finally, based on the stability analysis, it is found that the direction of the orbit trajectory is towards the disease-free equilibrium point. Therefore, we conclude that the disease-free equilibrium point is locally asymptotically stable.

PENDAHULUAN

HIV/AIDS merupakan salah satu penyakit menular yang paling mematikan di dunia. Penyakit ini disebabkan oleh infeksi virus HIV (*Human Immunodeficiency Virus*) yang menyerang sistem kekebalan tubuh. Virus HIV menginfeksi sel darah putih khusus yang mengandung permukaan molekul CD4⁺ pada sel T, atau yang umumnya disebut sebagai sel TCD4⁺. Secara biologis, sel TCD4⁺ berfungsi untuk melawan berbagai infeksi virus. Oleh karena itu, orang yang terinfeksi virus HIV akan mengalami kehilangan kemampuan untuk melawan penyakit. Dalam kondisi normal, jumlah sel TCD4⁺ di dalam tubuh manusia bervariasi antara 800/mm³ hingga 1200/mm³. Apabila seseorang terinfeksi virus HIV, maka orang tersebut akan dapat terjangkit AIDS (*Acquired Immunodeficiency Syndrome*) dalam kurun waktu 5-10 tahun apabila tidak diberikan pengobatan dan perawatan medis, misalnya dengan obat antiretroviral (ART). Seseorang yang telah terjangkit AIDS memiliki jumlah sel TCD4⁺ dibawah 200/mm³ sehingga sangat berpotensi mengalami kematian apabila orang tersebut terkena penyakit.

Dari tahun ke tahun, jumlah penderita HIV/AIDS di banyak negara relatif meningkat. Berdasarkan data yang didapatkan dari UNAIDS, terdapat kurang lebih 33,9 juta hingga 43,8 juta orang di dunia yang terinfeksi virus HIV pada tahun 2021. Selain itu, berdasarkan data dari Kementerian Kesehatan didapatkan total 519.158 orang pengidap HIV yang tersebar di seluruh provinsi di Indonesia hingga Juni 2022 [1]. Sebagai upaya preventif untuk mencegah penularan HIV/AIDS, berbagai penelitian terus dilakukan. Secara medis, penelitian untuk mengetahui dinamika penyebaran penyakit HIV/AIDS diantaranya melalui diagnosis ELISA (*Enzyme-Linked Immunosorbent Assay*), Western Blot, dan tes PCR (*Polymerase Chain Reaction*), memerlukan proses yang cukup lama dan biaya yang mahal. Upaya lain untuk mempelajari penyebaran penyakit HIV/AIDS adalah melalui pemodelan matematika yang telah banyak dilakukan secara ekstensif dalam beberapa tahun terakhir.

Pemodelan matematika untuk penyebaran penyakit menular dilakukan dengan mengkonstruksi seperangkat persamaan diferensial yang mendeskripsikan dinamika perubahan jumlah individu dalam suatu populasi.



Karya ini dapat digunakan berdasarkan ketentuan Creative Commons Attribution 4.0 International Licence, Distribusi lebih lanjut harus mencantumkan atribusi kepada penulis, judul karya, kutipan jurnal, dan DOI. Lisensi ini diberikan oleh Universitas Khairun.

Pemodelan matematika untuk menganalisis penyebaran penyakit HIV/AIDS telah banyak diteliti oleh penelitian terdahulu diantaranya oleh [2-15]. Sebagai pengembangan, dalam penelitian ini akan dianalisis penyebaran HIV/AIDS dengan menggunakan model SIA (*Susceptible-Infected-AIDS*) yang dimodifikasi dari model SIA Haryanto dkk [16] dengan menambahkan parameter pengobatan.

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk menentukan bilangan reproduksi serta analisis kestabilan model. Sebagai validasi, hasil yang diperoleh kemudian dibandingkan dengan data kejadian HIV/AIDS aktual berdasarkan laporan Kementerian Kesehatan tahun 2022 [1]. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi bahan literasi ilmiah bagi Kementerian Kesehatan dalam melakukan upaya penanganan agar kasus HIV/AIDS dapat dicegah seminimal mungkin di masa mendatang.

METODE PENELITIAN

Populasi dari model SIA dikelompokkan menjadi tiga subpopulasi yaitu S (*Susceptible*) yang mendeskripsikan jumlah orang yang rawan terkena HIV/AIDS, I (*Infected*) yang mendeskripsikan jumlah orang yang terinfeksi virus HIV, dan A (*AIDS case*) yang mendeskripsikan jumlah orang yang terjangkit penyakit AIDS (*Acquired Immune Deficiency Syndrome*). Sebagai batasan masalah, diasumsikan bahwa populasi bersifat tertutup sehingga total populasi, yang didefinisikan oleh $N = S + I + A$, bernilai konstan. Notasi untuk setiap subpopulasi dan parameter yang digunakan dalam penelitian ini dapat dituliskan pada Tabel 1 dan Tabel 2 sebagai berikut:

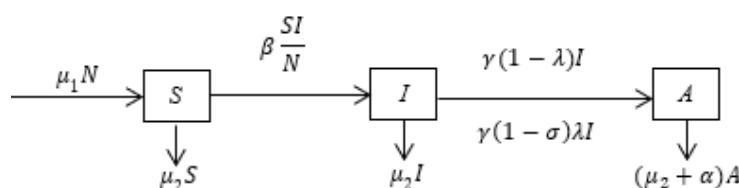
Tabel 1. Daftar variabel penelitian.

No.	Variabel	Notasi	Satuan
1.	Jumlah individu rawan HIV/AIDS pada waktu t	$S(t)$	Orang
2.	Jumlah individu terinfeksi virus HIV pada waktu t	$I(t)$	Orang
3.	Jumlah individu yang mengalami AIDS pada waktu t	$A(t)$	Orang

Tabel 2. Daftar parameter penelitian.

No.	Parameter	Notasi	Satuan
1.	Laju kelahiran alami	μ_1	$0 \leq \mu_1 \leq 1$
2.	Laju kematian alami	μ_2	$0 < \mu_2 < 1$
3.	Laju kematian akibat AIDS	α	$0 \leq \alpha \leq 1$
4.	Laju perubahan individu S menjadi I	β	$0 \leq \beta \leq 1$
5.	Laju perubahan individu I menjadi A	γ	$0 < \gamma < 1$
6.	Laju pengobatan	λ	$0 \leq \lambda \leq 1$
7.	Tingkat kemanjuran obat	σ	$0 < \sigma < 1$

Diagram transfer model SIA (*Susceptible-Infected-AIDS Cases*) termodifikasi pada kasus penyebaran penyakit HIV/AIDS dengan pengobatan dapat ditunjukkan oleh Gambar 1 berikut:



Gambar 1. Diagram transfer model SIA (*Susceptible-Infected-AIDS Cases*) termodifikasi pada kasus penyebaran penyakit HIV/AIDS dengan pengobatan.

Mekanisme perubahan jumlah individu di dalam populasi dapat diuraikan sebagai berikut:

- Perubahan jumlah individu di dalam subpopulasi rentan (S)
 - Pertambahan jumlah individu yang rentan dipengaruhi oleh kelahiran alami dengan laju μ_1 .
 - Pengurangan jumlah individu yang rentan dipengaruhi oleh kematian alami dengan laju μ_2 , serta interaksi antara individu rentan dengan individu terinfeksi dengan probabilitas $\frac{IS}{N}$ sehingga terjadi perubahan individu dari subpopulasi rentan menjadi terinfeksi dengan laju β .

Dengan demikian diperoleh laju perubahan individu rentan terhadap waktu:

$$\frac{dS}{dt} = \mu_1 N - \mu_2 S - \beta \frac{SI}{N} \quad (1)$$

2. Perubahan jumlah individu dalam subpopulasi terinfeksi (I)

- a) Pertambahan jumlah individu terinfeksi dipengaruhi oleh interaksi antara individu rentan dengan individu terinfeksi dengan probabilitas $\frac{\beta S}{N}$ sehingga terjadi perubahan individu dari kelas rentan menjadi terinfeksi dengan laju β .
- b) Pengurangan jumlah individu terinfeksi dipengaruhi oleh kematian alami dengan laju μ_2 , individu yang terinfeksi HIV tidak diberikan pengobatan $(1 - \lambda)$, serta obat yang diberikan tidak manjur $(1 - \sigma)$ sehingga terjadi perubahan individu dari subpopulasi terinfeksi HIV menjadi individu yang terjangkit penyakit AIDS dengan laju γ .

Dengan demikian diperoleh laju perubahan individu yang terinfeksi HIV terhadap waktu:

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]I \quad (2)$$

3. Perubahan jumlah individu dalam subpopulasi AIDS (A)

- a) Pertambahan jumlah individu dalam subpopulasi AIDS disebabkan karena individu yang terinfeksi HIV tidak diberikan pengobatan $(1 - \lambda)$, serta obat yang diberikan tidak manjur $(1 - \sigma)$ sehingga terjadi perubahan individu dari subpopulasi terinfeksi HIV menjadi individu yang terjangkit penyakit AIDS dengan laju γ .
- b) Pengurangan jumlah individu sembuh dipengaruhi oleh kematian alami dengan laju μ_2 dan kematian akibat AIDS dengan laju α .

Dengan demikian diperoleh laju perubahan individu yang terjangkit AIDS terhadap waktu:

$$\frac{dA}{dt} = [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]I - (\mu_2 + \alpha)A \quad (3)$$

HASIL DAN PEMBAHASAN

Titik Kesetimbangan Sistem

Untuk menentukan titik kesetimbangan, terlebih dahulu didefinisikan proporsi populasi

$$\begin{aligned} \tilde{S} &= \frac{S}{N}, & \tilde{i} &= \frac{I}{N} \\ \tilde{a} &= \frac{A}{N}, & n &= \frac{N}{N} = 1. \end{aligned} \quad (4)$$

Keadaan setimbang adalah keadaan dimana jumlah populasi tidak mengalami perubahan. Secara matematis, kondisi ini dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\frac{d\tilde{S}}{dt} = 0, \quad \frac{d\tilde{i}}{dt} = 0, \quad \frac{d\tilde{a}}{dt} = 0. \quad (5)$$

Dengan demikian, dari persamaan (1) – (3) didapatkan

$$\mu_1 - \mu_2 \tilde{S} - \beta \tilde{i} \tilde{S} = 0, \quad (6)$$

$$\beta \tilde{i} \tilde{S} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \tilde{i} = 0, \quad (7)$$

$$[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \tilde{i} - (\mu_2 + \alpha) \tilde{a} = 0. \quad (8)$$

Terdapat dua jenis titik kesetimbangan sistem yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit (P_0) dan titik kesetimbangan endemik (P_1). Sebagai penyederhanaan, penentuan titik kesetimbangan hanya melibatkan fungsi \tilde{S} dan \tilde{i} saja, karena kedua fungsi tersebut memiliki hubungan linear atau saling terkait satu sama lain.

Untuk menentukan titik kesetimbangan P_0 , disyaratkan bahwa $\tilde{i} = 0$, yang artinya tidak terdapat orang yang terinfeksi HIV. Lebih lanjut, dari persamaan (6) kita peroleh $\tilde{S} = \frac{\mu_1}{\mu_2}$. Dengan demikian, didapatkan

$$P_0 = \{\tilde{S}_0, \tilde{i}_0\} = \left\{ \frac{\mu_1}{\mu_2}, 0 \right\}. \quad (9)$$

Selanjutnya, untuk titik kesetimbangan (P_1) disyaratkan bahwa $\tilde{i} > 0$, yang artinya terdapat sejumlah orang yang terinfeksi HIV. Dari persamaan (7) didapatkan,

$$\tilde{s} = \frac{[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]}{\beta}. \quad (10)$$

Kemudian substitusi persamaan (10) ke dalam persamaan (6) sehingga didapatkan

$$\tilde{i} = \frac{\mu_1 - \mu_2 [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]}{[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]\beta}. \quad (11)$$

Dengan demikian, didapatkan titik kesetimbangan

$$P_1 = \{\tilde{s}_1, \tilde{i}_1\} = \left\{ \frac{[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]}{\beta}, \frac{\mu_1 - \mu_2 [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]}{[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]\beta} \right\}. \quad (12)$$

Analisis Kestabilan Titik Kesetimbangan

Setelah didapatkan titik kesetimbangan, langkah selanjutnya adalah melakukan analisis kestabilan sistem merujuk pada [17-20]. Sebagai batasan, dalam penelitian ini hanya akan dianalisis kestabilan lokal yang mendeskripsikan kestabilan sistem dalam waktu berhingga. Kriteria kestabilan lokal ditentukan berdasarkan nilai eigen dari persamaan karakteristik yang diperoleh melalui linearisasi matriks Jacobian. Didefinisikan fungsi

$$f(\tilde{s}, \tilde{i}) = \mu_1 - \mu_2 \tilde{s} - \beta \tilde{i} \tilde{s}, \quad (13)$$

$$g(\tilde{s}, \tilde{i}) = \beta \tilde{i} \tilde{s} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \tilde{i}. \quad (14)$$

Kemudian, dapat dihitung turunan parsial dari (13) dan (14) sebagai berikut

$$\frac{df(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{s}} = -\mu_2 - \beta \tilde{i} \quad (15)$$

$$\frac{df(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{i}} = -\beta \tilde{s} \quad (16)$$

$$\frac{dg(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{s}} = \beta \tilde{i} \quad (17)$$

$$\frac{dg(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{i}} = \beta \tilde{i} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \quad (18)$$

Dari persamaan (15) – (18) dapat ditentukan matriks Jacobian sebagai berikut

$$J(\tilde{s}, \tilde{i}) = \begin{pmatrix} \frac{df(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{s}} & \frac{df(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{i}} \\ \frac{dg(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{s}} & \frac{dg(\tilde{s}, \tilde{i})}{d\tilde{i}} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\mu_2 - \beta \tilde{i} & -\beta \tilde{s} \\ \beta \tilde{i} & \beta \tilde{i} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \end{pmatrix}. \quad (19)$$

Pertama, akan dianalisis kestabilan titik kesetimbangan P_0 . Untuk itu, substitusi persamaan (9) kedalam matriks Jacobian (19) sehingga didapatkan

$$J_0(\tilde{s}_0, \tilde{i}_0) = \begin{pmatrix} -\mu_2 & -\beta \frac{\mu_1}{\mu_2} \\ 0 & \beta \frac{\mu_1}{\mu_2} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \end{pmatrix}. \quad (20)$$

Selanjutnya adalah menentukan nilai karakteristik dari matriks Jacobian (20) dengan metode linearisasi. Didefinisikan nilai karakteristik ε yang memenuhi persamaan matriks:

$$M_0 = \begin{pmatrix} \varepsilon & 0 \\ 0 & \varepsilon \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} -\mu_2 & -\beta \frac{\mu_1}{\mu_2} \\ 0 & \beta \frac{\mu_1}{\mu_2} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \end{pmatrix}. \quad (21)$$

Untuk menentukan nilai-nilai karakteristik ε dari matriks (21), disyaratkan $\det(M_0) = 0$. Dengan demikian, didapatkan persamaan karakteristik

$$(\varepsilon + \mu_2) \left[\varepsilon - \beta \frac{\mu_1}{\mu_2} + \mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma) \right] = 0, \quad (22)$$

yang menghasilkan solusi berupa nilai – nilai karakteristik

$$\varepsilon_1 = -\mu_2, \quad (23)$$

$$\varepsilon_2 = \beta \frac{\mu_1}{\mu_2} - [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]. \quad (24)$$

Berdasarkan kriteria kestabilan Routh-Hurwitz didapatkan bahwa titik kesetimbangan sistem diferensial bersifat stabil apabila nilai-nilai karakteristik memenuhi $\varepsilon_1 < 0$, $\varepsilon_2 < 0$. Dari persamaan (24) didapatkan bilangan reproduksi

$$R_0 = \frac{\beta \mu_1}{\mu_2 [\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]} \quad (25)$$

yang bernilai

$$R_0 < 1 \quad (26)$$

untuk $\varepsilon_2 < 0$. Bilangan reproduksi merupakan suatu bilangan yang mendeskripsikan tingkat penyebaran penyakit pada suatu populasi. Dengan demikian, dapat disimpulkan bahwa suatu populasi dikatakan bebas penyakit apabila $R_0 < 1$.

Berikutnya, akan dianalisis kestabilan titik kesetimbangan P_1 . Untuk itu, substitusi persamaan (12) kedalam matriks Jacobian (19) sehingga didapatkan,

$$J_1(\tilde{s}_1, \tilde{i}_1) = \begin{pmatrix} -\frac{\mu_1}{\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)} & -[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \\ \frac{\mu_1 - \mu_2[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]}{\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)} & 0 \end{pmatrix}. \quad (27)$$

Selanjutnya, didefinisikan

$$M_1 = \begin{pmatrix} \varepsilon & 0 \\ 0 & \varepsilon \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} -\frac{\mu_1}{\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)} & -[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] \\ \frac{\mu_1 - \mu_2[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]}{\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)} & 0 \end{pmatrix}. \quad (28)$$

Untuk menentukan nilai-nilai karakteristik ε dari matriks (28), disyaratkan $\det(M_1) = 0$, yang menghasilkan

$$\varepsilon^2 + \frac{\mu_1}{\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)} \varepsilon + \mu_1 - \mu_2[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)] = 0. \quad (29)$$

Persamaan (29), merupakan persamaan kuadrat dengan solusi

$$\varepsilon_{1,2} = -\frac{\mu_1}{2[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]} \pm \frac{1}{2} \sqrt{\frac{\mu_1^2}{(\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma))^2} - 4(\mu_1 - \mu_2[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)])} \quad (30)$$

Untuk menentukan sifat akar (sifat nilai karakteristik ε), dilakukan simulasi orbit kestabilan menggunakan nilai-nilai parameter data penelitian.

Simulasi Model

Pada subbab berikut akan diberikan simulasi solusi model SIA. Simulasi bertujuan untuk memvisualisikan dinamika penyebaran penyakit HIV/AIDS pada ketiga subpopulasi *S* (*Susceptible*) yang, subpopulasi *I* (*Infected*), dan subpopulasi *A* (*AIDS cases*). Parameter simulasi didapatkan melalui *fitting* data yang dapat diuraikan sebagai berikut:

1. Laju kelahiran (μ_1) dan kematian (μ_2) alami

Merujuk pada data Kementerian Dalam Negeri RI Direktorat Jendral Kependudukan dan Pencatatan Sipil, jumlah penduduk Indonesia hingga Desember 2021 adalah sebanyak 273.879.750 jiwa. Berdasarkan data tersebut diketahui terdapat 691.259 jiwa angka kelahiran dan 1.580.865 jiwa angka kematian. Dengan demikian, dapat dihitung laju kelahiran alami $\mu_1 = \frac{691.259}{273.879.750} = 0,0025$ dan laju kematian alami $\mu_2 = \frac{1.580.865}{273.879.750} = 0,0058$. Diasumsikan bahwa laju kelahiran dan kematian alami relatif konstan setiap tahun, sehingga kita dapat menggunakan nilai-nilai tersebut sebagai parameter simulasi model.

2. Laju kematian akibat AIDS (α)

Merujuk pada data laporan Eksekutif Perkembangan HIV AIDS dan Penyakit Infeksi Menular Seksual (PIMS) Triwulan II tahun 2022 yang dikeluarkan oleh Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, angka kematian atau *Case Fatality Rate* (CFR) AIDS di Indonesia pada periode Januari – Juni 2022 mencapai 0,53%. Dengan demikian, didapatkan nilai $\alpha = 0,0053$.

3. Laju perubahan individu S menjadi I (β)

Merujuk pada data Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, jumlah orang yang hidup dengan HIV (ODHIV) yang ditemukan Januari – Juni 2022 sebanyak 22.331 orang dari 2.018.641 orang yang dites HIV.

Dengan demikian, dapat dihitung $\beta = \frac{22.331}{2.018.641} = 0,01$.

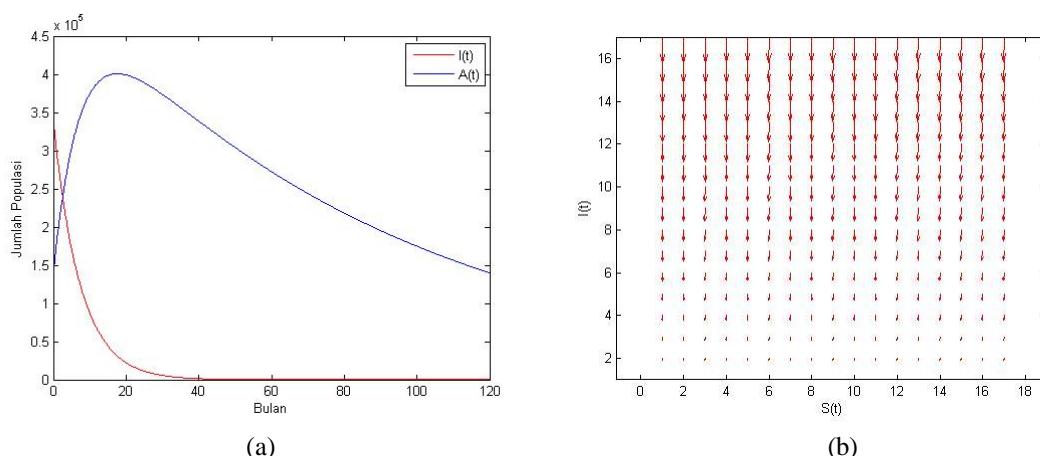
4. Laju perubahan individu I menjadi A (γ)

Merujuk pada Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, jumlah kumulatif ODHIV ditemukan (kasus HIV) yang dilaporkan sampai dengan September 2022 sebanyak 338.760 orang, sedangkan jumlah kumulatif kasus AIDS yang dilaporkan sampai dengan Juni 2022 sebanyak 140.024. Dengan demikian dapat dihitung $\gamma = \frac{140.024}{338.760} = 0,41$.

5. Laju pengobatan (λ) dan kemanjuran obat (σ)

Merujuk pada data Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, jumlah ODHIV yang ditemukan pada peiode Januari-Juni 2022 adalah sebanyak 22.331 orang, dan 18.479 orang diantaranya telah mendapatkan pengobatan ART/ARV (Antiretroviral). Dengan demikian, dapat dihitung laju pengobatan $\lambda = \frac{18.479}{22.331} = 0,83$. Lebih lanjut, diasumsikan bahwa tingkat kemanjuran pengobatan ARV adalah 80% sehingga didapatkan $\sigma = 0,8$.

Diasumsikan bahwa nilai parameter bersifat konstan, sehingga kita dapat menggunakan nilai-nilai tersebut sebagai parameter simulasi model. Dengan menggunakan data awal kasus penyebaran HIV/AIDS di Indonesia pada Triwulan II tahun 2022 dimana $S(0) = 2.018.641$, $I(0) = 338.760$, dan $A(0) = 140.024$, didapatkan plot solusi model SIA, serta orbit kestabilan model sebagai berikut:



Gambar 2. (a) Plot solusi model SIA untuk $I(t)$ dan $A(t)$; (b) plot orbit kestabilan model.

Berdasarkan Gambar 2(a), dapat dilihat bahwa kurva $I(t)$ melandai, sedangkan kurva $A(t)$ meningkat selama 19 bulan pertama dan puncak kasus HIV terjadi pada Januari 2024. Setelah mencapai puncak, kurva kemudian melandai hingga mencapai keadaan jenuh atau saturasi. Lebih lanjut, hasil simulasi model matematika yang diusulkan telah sesuai dengan data lapangan, dimana berdasarkan data laporan Eksekutif Perkembangan HIV/AIDS dan Penyakit Infeksi Menular Seksual (PIMS), didapatkan bahwa kasus HIV/AIDS mengalami penurunan sejak tahun 2020 [1]. Selanjutnya, dari persamaan (25) dapat dihitung nilai bilangan reproduksi sebagai berikut:

$$R_0 = \frac{\beta\mu_1}{\mu_2[\mu_2 + \gamma(1 - \lambda\sigma)]} = \frac{(0,01)(0,0025)}{(0,0058)[0,0058 + 0,41(1 - 0,83 \times 0,80)]} = 0,03.$$

Didapatkan nilai $R_0 < 1$ yang merepresentasikan bahwa di masa depan tidak ada lagi penyakit yang menjangkit suatu populasi, atau dapat dikatakan bahwa penyakit telah hilang. Berdasarkan gambar 2(b), dapat dilihat bahwa

arah trayektori menuju titik kesetimbangan bebas penyakit P_0 , sehingga dapat disimpulkan bahwa dengan menggunakan skenario ini titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil lokal secara asimtotik.

KESIMPULAN

Berdasarkan data hasil penelitian, dapat diberikan kesimpulan untuk menjawab rumusan masalah seagai berikut: Dalam penelitian ini telah dipelajari dinamika penyebaran penyakit HIV/AIDS di Indonesia dengan menggunakan model matematika SIA (*Susceptible-Infected-AIDS cases*) yang dimodifikasi dengan menambahkan laju pengobatan dan kemanjuran obat. Berdasarkan hasil penelitian, didapatkan bilangan reproduksi model R_0 seperti ditunjukkan oleh persamaan (25). Dengan menggunakan nilai-nilai parameter yang didapatkan dari *fitting* data laporan Eksekutif Perkembangan HIV AIDS dan Penyakit Infeksi Menular Seksual (PIMS) Triwulan II tahun 2022 oleh Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, didapatkan nilai $R_0 = 0,03$. Karena nilai $R_0 < 1$, maka terdapat kemungkinan bahwa penyakit HIV/AIDS akan hilang dari populasi di masa depan. Berdasarkan analisis kestabilan, didapatkan bahwa arah trayektori orbit menuju titik kesetimbangan bebas penyakit P_0 , sehingga dapat disimpulkan bahwa dengan menggunakan skenario ini titik kesetimbangan bebas penyakit bersifat stabil lokal secara asimtotik.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada para reviewer yang telah memberikan saran dan masukan untuk meningkatkan kualitas naskah ini.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. Laporan Eksekutif Perkembangan HIV AIDS dan Penyakit Infeksi Menular Seksual (PIMS) Triwulan II tahun 2022, Jakarta, 2022.
- [2] P.R.M. Jafaruddin, Aryanto, I.A. Henukh. "Analisis Kestabilan Model Host-Vector Transmisi HIV/AIDS Pada Pengguna Jarum Suntik," *Jurnal Matematika*, vol. 7, no. 1, 2017.
- [3] A.J. Zamzami, S.B. Waluya, M. Kharis, "Pemodelan Matematika Dan Analisis Kestabilan Model Penyebaran HIV/AIDS dengan Treatment. *UNNES Journal of Mathematics*," 7(2): 142- 154, 2018.
- [4] M.F. Lamusu, D. Mamula, F. Muhsana, "Analisis Kestabilan Titik Tetap Pada Model Matematika Penyebaran HIV/AIDS. *EULER: Jurnal Matematika, Sains dan Teknologi*," vol. 7, no. 1, hal. 15-24, ISSN: 2087-9393. 2019.
- [5] Z.A. Lelury, F.Y. Rumlawang, A.G. Naraha, "Analisis Stabilitas dan Simulasi Model Penyebaran Penyakit HIV/AIDS Tipe SIA (Susceptible, Infected, Abstained)," *TENSOR Pure and Applied Mathematics Journal*, vol. 1, no.1, hal.31–40, 2020.
- [6] H.W. Salih dan A. Nachaoui, "On the stability of a mathematical model for HIV(AIDS) dynamics," *Mathematical Modeling and Computing*, vol. 8, Issue 4, pp. 783 – 796, 2021.
- [7] Abraham dan T. Tandiangnga, "Simulasi Model Matematika Sita Pada Penyebaran Penyakit Hiv/Aids Dengan Pengaruh Terapi," Prosiding Seminar Hasil Penelitian Pengembangan IPTEKS dan Sains Universitas Cendrawasih, Edisi kedelapan, ISBN: 978-602-7905-39-9, 2022.
- [8] C.C. Espitia, M.A. Botina, M.A. Solarte, I. Hernandez, R.A. Riascos, J.F. Meyer, "Mathematical Model of HIV/AIDS Considering Sexual Preferences Under Antiretroviral Therapy, a Case Study in San Juan de Pasto, Colombia," *Journal of Computational Biology*, 29 (5): 483-493, May, 2022.
- [9] M. Edison, L. Luboobi, J. Kasozi, R.N. Nsubuga, "Mathematical Modelling of HIV-HCV Co-infection Dynamics in Presence of HIV Therapy," *Biomath*, vol. 11, Issue 119, 2207158, 2022.
- [10] Faisah, S. Toaha, Kasbawati. "Analisis Kestabilan Model Matematika Penyebaran Penyakit Hiv Dengan Klasifikasi Gejala Pada Penderita," *Proximal: Jurnal Penelitian Matematika dan Pendidikan Matematika*, vol. 5, no. 2, hal 106–118, 2022.
- [11] M. Farman, A. Raza, A. Akgul, M.U. Saleem, A. Ahmad, and M.S. Iqbal, "Analysis and Modelling of HIV/AIDS Model with Fractional Order Parameter Estimation," *Progress in Fractional Differentiation and Applications*, vol 8, no. 2, 217-230, 2022.
- [12] H. Hassani, Z. Avazzadeh, J.A.T. Machado, P. Agarwal, M. Bakhtiar, "Optimal Solution of a Fractional HIV/AIDS Epidemic Mathematical Model," *Journal of Computational Biology*, vol. 29, Issue 3, pp. 276 – 291, 2022.
- [13] R.U. Hurit, dan B.B.F. Resi, "Penyelesaian Model SIR Untuk Penyebaran Penyakit Hiv/Aids Menggunakan Metode Euler dan Metode Heun," *Semnas Pendidikan Matematika*, vol. 3, no. 1, 2022.

- [14] A. Rathinasamy, M. Chinnadurai, S. Athithan, “Analysis of exact solution of stochastic sex-structured HIV/AIDS epidemic model with effect of screening of infectives,” Mathematics and Computers in Simulation, vol. 179, pp. 213 – 237, 2022.
- [15] H. Zine, A.E. Adraoui, D.F.M. Torres, “Mathematical analysis, forecasting and optimal control of HIV/AIDS spatiotemporal transmission with a reaction diffusion SICA model,” AIMS Mathematics, vol. 7, Issue 9, pp. 16519 – 16535, 2022.
- [16] D. Haryanto, N. Kusumastuti, B. Prihandono, ”Pemodelan Matematika Dan Analisis Kestabilan Model Pada Penyebaran HIV-AIDS” Buletin Ilmiah Matematika, Statistika dan Terapannya (Bimaster), vol. 04, no. 2, hal 101–110, 2015.
- [17] J.K. Hale, dan H. Kocak, Dynamic and Bifurcation. New York: Springer-verlag, 1991.
- [18] J.D. Meiss, Differential Dynamical Systems. USA: Society for Industrial and Applied Mathematics, 2007.
- [19] L. Perko, Differential Equations and Dynamical Systems. New York: Springer-verlag, 1991.
- [20] S. Wiggins, Introduction to Applied Nonlinear Dynamical System and Chaos. New York: Springer, 1990.