

Analisis Model *SITR* dengan Tes *Viral Load* Pada Penyebaran Penyakit HIV di Indonesia

Anggita Retno Kristanti⁽¹⁾, Vita Kusumasari⁽²⁾

Universitas Negeri Malang,
Jalan Semarang 5, Malang, Jawa Timur, Indonesia

Email: ¹anggitaretno190@gmail.com, ²vita.kusumasari.fmipa@um.ac.id

Tersedia Online di

<http://www.jurnal.unublitar.ac.id/index.php/briliant>

Sejarah Artikel

Diterima 27 September 2024
Direvisi 24 September 2025
Disetujui 06 Oktober 2025
Dipublikasikan 22 Februari 2026

Keywords:

HIV, Mathematical Modelling, SITR, Viral Load Test

Kata Kunci:

HIV, Pemodelan Matematika, SITR, Tes Viral Load

Corresponding Author:

Name:
Anggita Retno Kristanti
Email:
anggitaretno190@gmail.com

Abstract: *Human Immunodeficiency Virus (HIV) is a virus that attacks white blood cells in the body. Until now, HIV is still one of the world's health problems. Mathematical models have an important role in understanding the dynamics of a disease epidemic. The purpose of this study is to model and analyze the spread of HIV disease in Indonesia using the SITR model with viral load tests. This model divides the population into four subpopulations, namely Susceptible (S) or subpopulations that are susceptible to contracting the disease, Infected (I) or subpopulations that are infected with HIV, Treatment (T) or subpopulations that are infected with HIV and receive ARV treatment, and Recovery (R) or subpopulations whose viral load test results are suppressed after taking ARV treatment. The model analysis was conducted with model assumptions, parameter estimation, equilibrium point determination, equilibrium point stability analysis, and numerical simulation using Maple18. Based on the analysis, the value of $R_0=10,52749285$ is obtained, which means that the model is asymptotically stable towards the endemic equilibrium point.*

Abstrak: Human Immunodeficiency Virus (HIV) merupakan virus yang menyerang sel darah putih di dalam tubuh. Sampai saat ini, HIV masih menjadi salah satu masalah kesehatan dunia. Model matematika mempunyai peran penting dalam memahami dinamika suatu epidemi penyakit. Tujuan penelitian ini adalah memodelkan dan menganalisis penyebaran penyakit HIV di Indonesia menggunakan model SITR dengan tes viral load. Model ini membagi populasi menjadi empat subpopulasi, yaitu Susceptible (S) atau subpopulasi yang rentan tertular penyakit, Infected (I) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV, Treatment (T) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV dan mendapatkan

pengobatan ARV, dan Recovery (R) atau subpopulasi yang hasil tes viral load tersupresi setelah menjalankan pengobatan ARV. Analisis model dilakukan dengan asumsi model, estimasi parameter, penentuan titik ekuilibrium, analisis kestabilan titik ekuilibrium, dan simulasi numerik menggunakan bantuan Maple18. Berdasarkan hasil analisis, diperoleh nilai $R_0=10,52749285$ yang berarti bahwa model stabil asimtotik menuju titik ekuilibrium endemik.

PENDAHULUAN

Human Immunodeficiency Virus (HIV) merupakan virus yang menyerang sel darah putih di dalam tubuh (limfosit) yang mengakibatkan turunnya kekebalan tubuh manusia. HIV ditandai dengan tingkat mutase yang sangat besar puluhan kali lebih cepat daripada manusia (Lafif et al., 2022). Sampai saat ini, HIV masih menjadi salah satu masalah kesehatan dunia. Di Indonesia, terdapat sebanyak 543.100 kasus HIV yang dilaporkan pada tahun 2020 (Kementerian Kesehatan

RI., 2023). Tak heran jika Indonesia menempati peringkat ke-5 sebagai negara paling beresiko HIV/AIDS di Asia (Mukarromah & Azinar, 2021).

Sampai saat ini, tidak ada obat untuk menyembuhkan penyakit HIV. *World Health Organization* (WHO) merekomendasikan terapi antiretroviral (ARV) pada ODHA untuk menurunkan resiko penularan, mencegah infeksi oportunistik, menurunkan kasus baru, dan mencegah kematian dini (Sitorus et al., 2021). Lebih lanjut, sebagai upaya pemantauan penggunaan ARV, WHO merekomendasikan pemeriksaan *viral load* (Solehdin et al., 2019). Pemantauan *viral load* pada orang yang hidup dengan HIV sangat penting untuk mempertahankan efektivitas terapi antiretroviral individu sehingga target populasi untuk menekan virus dapat dicapai (Drain et al., 2019). Kementerian Kesehatan Republik Indonesia melalui Peraturan Menteri Kesehatan Nomor 23 Tahun 2022 tentang HIV, AIDS, dan IMS menyatakan bahwa pemeriksaan *viral load* penting dilakukan untuk membantu mengukur seberapa besar virus HIV yang tersupresi dan mengurangi risiko penularan HIV kepada orang lain.

Pemodelan matematika merupakan suatu cara untuk dapat membantu memahami suatu fenomena nyata melalui abstraksi masalah (Mahuda, 2020). Model matematika mempunyai peran penting dalam memahami dinamika suatu epidemi penyakit, termasuk HIV/AIDS. Berbagai pemodelan penyakit HIV/AIDS telah dilakukan seperti model SITA (Mahuda & Rofiroh, 2024), model SEIJA (Faisah et al., 2022), model SIR (Abueldahab & Mutombo, 2021), model SIAE (Rana et al., 2022), model SEI_1I_2R (Naik et al., 2020), model SIPA (Sanusi et al., 2021), dan model S_uS_aIAT (Fatmawati et al., 2020).

Penelitian yang dilakukan oleh Naik et al (2020) menganalisis penyebaran penyakit HIV dengan membagi populasi menjadi lima subpopulasi yaitu SEI_1I_2R . Namun, penelitian tersebut tidak memperhatikan adanya individu terinfeksi HIV yang melakukan pengobatan ARV. Penelitian lain mengenai penyebaran penyakit HIV yang dilakukan oleh Fatmawati et al (2020) menganalisis penyebaran penyakit HIV dengan membagi populasi menjadi lima subpopulasi yaitu S_uS_aIAT . Namun, penelitian tersebut tidak memperhatikan adanya individu terinfeksi HIV yang melakukan pengobatan ARV dengan hasil pemeriksaan *viral load* tersupresi.

Merujuk pada pentingnya pemeriksaan *viral load*, penelitian ini melakukan modifikasi model penyebaran HIV yaitu model SITR dengan tes *viral load*. Model diperoleh dengan mengkombinasikan kompartemen I dan T pada model S_uS_aIAT dengan kompartemen S dan R pada model SEI_1I_2R . Pada model ini, terdapat perpindahan dari subpopulasi *treatment* menuju subpopulasi *recovery* dengan laju sebesar δ . Perpindahan ini ditentukan melalui hasil tes *viral load* yang dijalani oleh penderita setelah melakukan pengobatan ARV selama 6 bulan. Model SITR membagi populasi ke dalam empat subpopulasi, yaitu *Susceptible* (*S*) atau subpopulasi yang rentan tertular penyakit, *Infected* (*I*) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV, *Treatment* (*T*) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV dan mendapatkan pengobatan ARV, dan *Recovery* (*R*) atau subpopulasi yang hasil tes *viral load* tersupresi setelah menjalankan pengobatan ARV. Tujuan penelitian ini yaitu memodelkan dan menganalisis penyebaran penyakit HIV di Indonesia menggunakan model SITR dengan tes *viral load*. Model ini relevan dengan kondisi Indonesia sehingga diharapkan dapat memberikan gambaran penyebaran penyakit HIV yang baru guna mendukung kebijakan pemerintah Indonesia dalam mengurangi kasus HIV.

METODE

Penelitian ini menggunakan pendekatan pemodelan matematika epidemiologi dengan tipe SITR. Model ini membagi populasi dalam empat subpopulasi, yaitu *Susceptible* (*S*) atau subpopulasi yang rentan tertular penyakit, *Infected* (*I*) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV, *Treatment* (*T*) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV dan mendapatkan pengobatan ARV, dan *Recovery* (*R*) atau subpopulasi yang hasil tes *viral load* tersupresi setelah menjalankan pengobatan ARV.

Langkah-langkah yang dilakukan dalam menganalisis model yaitu (1) asumsi model; (2) estimasi parameter dengan pengolahan data sekunder; (3) menentukan titik ekuilibrium; (4) melakukan analisis kestabilan titik ekuilibrium; (5) menentukan bilangan reproduksi dasar; dan

(6) simulasi numerik berbentuk kurva dinamika S, I, T, R terhadap waktu. Sumber data dalam penelitian ini adalah data sekunder berupa data penduduk Indonesia (BPS., 2022) dan data penyebaran penyakit HIV di Indonesia tahun 2022 (Kementerian Kesehatan RI., 2023). Simulasi numerik dilakukan dengan bantuan *software* Maple18 untuk menyelesaikan persamaan diferensial non-linier.

HASIL DAN PEMBAHASAN

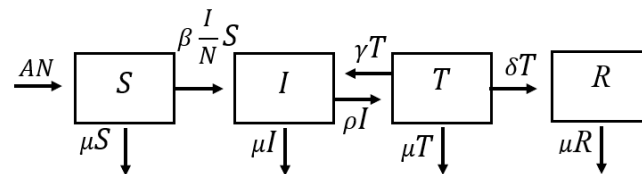
Model penyebaran penyakit HIV yang digunakan pada penelitian ini adalah model SITR dengan tes *viral load*. Tes *viral load* merupakan program pemerintah untuk mengetahui keefektifan pengobatan ARV dengan cara mengukur jumlah virus HIV dalam tubuh penderita. Pada model ini, hasil tes *viral load* digunakan sebagai acuan perpindahan subpopulasi *infected* ke dalam subpopulasi *recovery*. Model SITR membagi populasi menjadi empat subpopulasi yaitu *Susceptible* (S), *Infected* (I), *Treatment* (T), dan *Recovery* (R). Dengan demikian, total populasi yang disimbolkan dengan N adalah $N = S + I + T + R$.

Asumsi Model

Model matematika dibuat berdasarkan asumsi-asumsi (Side et al., 2021). Asumsi yang digunakan pada pemodelan penyebaran HIV dengan model SITR diantaranya:

1. Individu yang baru lahir masuk ke dalam subpopulasi rentan S ,
2. Subpopulasi S dapat berpindah ke subpopulasi I ,
3. Penderita HIV dapat dengan mudah memperoleh pengobatan ARV,
4. Subpopulasi T dapat dengan mudah memperoleh tes *viral load*,
5. Subpopulasi T yang hasil tes VL tersupresi dapat berpindah ke subpopulasi R ,
6. Subpopulasi T yang tidak rutin melakukan pengobatan dan tidak melanjutkan pengobatan dapat berpindah lagi ke subpopulasi I ,
7. Subpopulasi R tidak dapat berpindah lagi ke subpopulasi I karena dianggap virus HIV telah tersupresi dengan melakukan pengobatan ARV secara rutin (Kementerian Kesehatan RI., 2023), dan
8. Terdapat kematian alami pada setiap subpopulasi.

Model SITR berdasarkan asumsi tersebut dibentuk melalui diagram transfer kompartmen seperti pada Gambar 1 berikut.



Gambar 1 Diagram Transfer Model SITR dengan Tes *Viral Load*

Keterangan parameter dan variabel pada model SITR dapat dilihat pada Tabel 1 berikut.

Tabel 1. Keterangan Parameter dan Variabel Model SITR

Parameter dan Variabel	Keterangan
S	Individu rentan tertular penyakit
I	Individu terinfeksi HIV
T	Individu yang terinfeksi HIV dan mendapatkan pengobatan ARV
R	Individu dengan hasil tes <i>viral load</i> tersupresi setelah menjalankan pengobatan ARV
β	Laju terinfeksi HIV
ρ	Laju perpindahan dari I ke T
γ	Laju perpindahan dari T ke I
δ	Laju kesembuhan
μ	Laju kematian alami
A	Laju kelahiran

Sistem persamaan diferensial yang diperoleh dari model pada Gambar 1 adalah sebagai berikut.

$$\frac{dS}{dt} = AN - \beta \frac{I}{N} S - \mu S \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N} S + \gamma T - (\rho + \mu) I \quad (2)$$

$$\frac{dT}{dt} = \rho I - (\gamma + \delta + \mu) T \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \delta T - \mu R \quad (4)$$

Pada sistem di atas, populasi bernilai konstan. Karena $N(t)$ konstan, sistem dapat disederhanakan dengan menghitung proporsi masing-masing kelas (Gina et al., 2017). Proporsi banyaknya individu dalam setiap subpopulasi dinyatakan sebagai

$$s = \frac{S}{N}; i = \frac{I}{N}; t_m = \frac{T}{N}; r = \frac{R}{N}$$

Sehingga persamaan (1) sampai (4) menjadi

$$\frac{ds}{dt} = A - \beta is - \mu s \quad (5)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta is + \gamma t_m - (\rho + \mu) i \quad (6)$$

$$\frac{dt_m}{dt} = \rho i - (\gamma + \delta + \mu) t \quad (7)$$

$$\frac{dr}{dt} = \delta t_m - \mu r \quad (8)$$

Estimasi Parameter

Data penyebaran HIV yang digunakan dalam penelitian diperoleh dari Laporan Tahunan HIV AIDS 2022 (Kementerian Kesehatan RI., 2023) dan data penduduk Indonesia (BPS., 2022). Data tersebut disajikan dalam Tabel 2 berikut.

Tabel 2. Data Penduduk dan Penyebaran Penyakit HIV di Indonesia Tahun 2022

Data	Nilai
Individu rentan tertular penyakit	275.033.762 jiwa
Individu terinfeksi HIV	526.841 jiwa
Individu yang terinfeksi HIV dan mendapatkan pengobatan ARV	179.659 jiwa
Individu dengan hasil tes <i>viral load</i> tersupresi setelah menjalankan pengobatan ARV	33.538 jiwa
Durasi <i>treatment</i>	0,5 tahun
Jumlah populasi	275.773.800 jiwa
Jumlah kelahiran	4.650.000 jiwa
Angka harapan hidup	73,6 tahun

Nilai parameter yang digunakan diperoleh dari perhitungan berdasarkan data pada Tabel 2 dan penelitian yang dilakukan oleh Fatmawati et al (2020) disajikan dalam Tabel 3 berikut.

Tabel 3. Nilai Parameter

Parameter	Keterangan	Estimasi	Nilai
β	Laju terinfeksi HIV	-	0,1265
ρ	Laju perpindahan dari I ke T	$\frac{\text{Jumlah populasi } T}{\text{Jumlah populasi}}$	$\frac{179.659}{275.773.800} = 0,0006514723$
γ	Laju perpindahan dari T ke I	-	0,2059

δ	Laju kesembuhan	$\frac{1}{durasi\ treatment}$	2
μ	Laju kematian alami	$\frac{1}{angka\ harapan\ hidup}$	$\frac{1}{73,6} = 0,014$
A	Laju kelahiran	$\frac{jumlah\ kelahiran}{jumlah\ populasi}$	$\frac{4.650.000}{275.773.800} = 0,017$

Nilai awal setiap subpopulasi disajikan pada Tabel 4 berikut.

Tabel 4. Nilai Awal

Data	Nilai
$s(0)$	$\frac{275.033.762}{275.773.800} = 0,997316$
$i(0)$	$\frac{526.841}{275.773.800} = 0,001910$
$t_m(0)$	$\frac{179.659}{275.773.800} = 0,000651$
$r(0)$	$\frac{33.538}{275.773.800} = 0,000122$

Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit dan Titik Ekuilibrium Endemik

Model SITR memiliki dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Titik ekuilibrium diperoleh dengan meninjau sistem persamaan (5) sampai (8) dalam keadaan tetap (Naik et al., 2020). Dengan demikian diperoleh

$$\frac{ds}{dt} = \frac{di}{dt} = \frac{dt_m}{dt} = \frac{dr}{dt} = 0$$

Selanjutnya, titik ekuilibrium bebas penyakit diperoleh dengan mengasumsikan tidak ada individu terinfeksi penyakit HIV yang berarti $i = 0$ dan $t_m = 0$, sedangkan titik ekuilibrium endemik diperoleh dengan mengasumsikan ada individu yang terinfeksi HIV yang berarti $i > 0$ dan $t_m > 0$ (Chandra & Roudhotillah, 2021). Setelah dilakukan perhitungan diketahui bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit $E^0 = (\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$ dan titik ekuilibrium endemik $E^* = (A^*, B^*, C^*, D^*)$ dengan $A^* = \frac{\rho + \mu}{\beta} - \frac{\gamma \rho}{\beta(\gamma + \delta + \mu)}$, $B^* = \frac{A + \mu A^*}{\beta A^*}$, $C^* = \frac{\rho B^*}{(\gamma + \delta + \mu)}$, dan $D^* = \frac{\delta C^*}{\mu}$.

Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium

Analisis kestabilan titik ekuilibrium dapat dilakukan dengan pendekatan matriks Jacobian dari persamaan (5) sampai (8) berikut.

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial ds}{\partial s} & \frac{\partial ds}{\partial i} & \frac{\partial ds}{\partial t} & \frac{\partial ds}{\partial r} \\ \frac{\partial di}{\partial s} & \frac{\partial di}{\partial i} & \frac{\partial di}{\partial t} & \frac{\partial di}{\partial r} \\ \frac{\partial dt_m}{\partial s} & \frac{\partial dt_m}{\partial i} & \frac{\partial dt_m}{\partial t} & \frac{\partial dt_m}{\partial r} \\ \frac{\partial dr}{\partial s} & \frac{\partial dr}{\partial i} & \frac{\partial dr}{\partial t} & \frac{\partial dr}{\partial r} \end{bmatrix}$$

$$J = \begin{bmatrix} -\beta i - \mu & -\beta s & 0 & 0 \\ \beta i & \beta s - (\rho + \mu) & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & -(\gamma + \delta + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

Analisis kestabilan titik ekuilibrium bebas penyakit dilakukan dengan substitusi $E^0 = (\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$ pada matriks Jacobian di atas sehingga diperoleh

$$J(E^0) = \begin{bmatrix} -\mu & -\beta \frac{A}{\mu} & 0 & 0 \\ 0 & \beta \frac{A}{\mu} - (\rho + \mu) & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & -(\gamma + \delta + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

Dimisalkan $a = -\beta \frac{A}{\mu}$, $b = \beta \frac{A}{\mu} - (\rho + \mu)$, dan $c = -(\gamma + \delta + \mu)$, sehingga

$$J(E^0) = \begin{bmatrix} -\mu & a & 0 & 0 \\ 0 & b & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & c & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

Selanjutnya, dibentuk persamaan karakteristik menggunakan $\det|J(E^0) - \lambda I| = 0$, sehingga diperoleh persamaan karakteristik berikut.

$$\det \begin{bmatrix} -\mu - \lambda & a & 0 & 0 \\ 0 & b - \lambda & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & c - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu - \lambda \end{bmatrix} = 0$$

$$-(\lambda + \mu)^2(-bc + b\lambda + c\lambda + \gamma\rho - \lambda^2) = 0$$

Dari persamaan karakteristik tersebut diperoleh nilai eigen (λ) yaitu $\lambda_1 = \lambda_2 = -\mu$. Kemudian, dicari nilai eigen lainnya dari persamaan $-(-bc + b\lambda + c\lambda + \gamma\rho - \lambda^2) = 0$, sehingga diperoleh $\lambda_3 = \frac{(b+c) - \sqrt{b^2+c^2-2bc+4\gamma\rho}}{2}$ dan $\lambda_4 = \frac{(b+c) + \sqrt{b^2+c^2-2bc+4\gamma\rho}}{2}$.

Apabila semua nilai eigen bernilai negatif, maka titik ekuilibrium stabil asimtotik lokal (Chandra & Roudhotillah, 2021). Substitusi nilai parameter ke dalam nilai eigen diperoleh $\lambda_1 = \lambda_2 = -0,014$, $\lambda_3 = -2,219956865$, $\lambda_4 = 0,139012535$. Melalui analisis nilai eigen didapat $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3 < 0$ dan $\lambda_4 > 0$, maka dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit tidak stabil.

Analisis kestabilan titik ekuilibrium endemik dilakukan dengan substitusi titik $E^* = (A^*, B^*, C^*, D^*)$ ke dalam matriks Jacobian, sehingga diperoleh

$$J(E^*) = \begin{bmatrix} -\beta B^* - \mu & -\beta A^* & 0 & 0 \\ \beta B^* & \beta A^* - (\rho + \mu) & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & -(\gamma + \delta + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

Dimisalkan $d = -\beta B^* - \mu$, $e = -\beta A^*$, $f = \beta B^*$, $g = \beta A^* - (\rho + \mu)$, dan $h = -(\gamma + \delta + \mu)$, sehingga

$$J(E^*) = \begin{bmatrix} d & e & 0 & 0 \\ f & g & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & h & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

Selanjutnya, dibentuk persamaan karakteristik menggunakan $\det|J(E^*) - \lambda I| = 0$, sehingga diperoleh persamaan karakteristik berikut.

$$\det \begin{bmatrix} d - \lambda & e & 0 & 0 \\ f & g - \lambda & \gamma & 0 \\ 0 & \rho & h - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu - \lambda \end{bmatrix} = 0$$

$(\lambda + \mu)[\lambda^3 + (-d - g - h)\lambda^2 + (dg + dh - ef + gh - \gamma\rho)\lambda - dgh + d\gamma\rho + efh] = 0$
 Dari persamaan karakteristik tersebut, diperoleh $(\lambda + \mu) = 0$, maka $\lambda = -\mu$ dan $\lambda^3 + (-d - g - h)\lambda^2 + (dg + dh - ef + gh - \gamma\rho)\lambda - dgh + d\gamma\rho + efh = 0$. Selanjutnya, dimisalkan $a_3 = 1$, $a_2 = -d - g - h$, $a_1 = dg + dh - ef + gh - \gamma\rho$, dan $a_0 = -dgh + d\gamma\rho + efh$, sehingga diperoleh persamaan $a_3\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0 = 0$. Persamaan tersebut merupakan persamaan berderajat tinggi, sehingga untuk menganalisis kestabilannya digunakan kriteria Routh Hurwitz. Kriteria kestabilan Routh Hurwitz adalah suatu metode untuk menunjukkan apakah akar-akar persamaan stabil atau tidak tanpa menghitungnya secara langsung (Zahwa et al., 2022; Masita et al., 2021). Selanjutnya, dibentuk tabel Routh Hurwitz dari persamaan $a_3\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_1\lambda + a_0 = 0$ sebagai berikut.

Tabel 5. Tabel Routh Hurwitz

λ^3	a_3	a_1
λ^2	a_2	a_0
λ	$\frac{a_2 a_1 - a_3 a_0}{a_2}$	b_2
λ^0	$\frac{b_1 a_0 - a_2 b_2}{b_1}$	

Syarat perlu dan cukup agar sistem stabil asimtotik adalah semua koefisien pada kolom pertama tabel Routh Hurwitz mempunyai tanda positif (Yusnita & Siregar, 2023; Afwan, 2021). Berdasarkan perhitungan diperoleh bahwa $a_3 > 0$, $a_2 > 0$, $\frac{a_2 a_1 - a_3 a_0}{a_2} > 0$, dan $\frac{b_1 a_0 - a_2 b_2}{b_1} > 0$. Dengan demikian, dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium endemik stabil asimtotik.

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (R_0) menyatakan banyaknya infeksi baru karena adanya kontak antara individu rentan dengan individu terinfeksi. Apabila nilai $R_0 < 1$ maka akan terjadi bebas penyakit, sedangkan jika $R_0 > 1$ maka penyakit akan menjadi endemik (Chandra & Roudhotillah, 2021). Metode yang digunakan untuk mencari R_0 pada penelitian ini adalah *Next Generation Matrix*. Pencarian R_0 dilakukan dengan pelinieran pada subsistem terinfeksi yaitu *Infected (I)* dan *Treatment (T)* di titik ekuilibrium bebas penyakit (Fatmawati et al., 2020). Pelinieran ini direpresentasikan dengan matriks Jacobian seperti berikut.

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial di}{\partial i} & \frac{\partial di}{\partial t} \\ \frac{\partial dt}{\partial i} & \frac{\partial dt}{\partial t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta s - (\rho + \mu) & \gamma \\ \rho & -(\gamma + \delta + \mu) \end{bmatrix}$$

$$J(E^0) = \begin{bmatrix} \beta \frac{A}{\mu} - (\rho + \mu) & \gamma \\ \rho & -(\gamma + \delta + \mu) \end{bmatrix}$$

Selanjutnya, matriks Jacobian didekomposisi menjadi matriks transmisi (F) dan matriks transisi (V). Matriks transmisi adalah matriks yang elemennya merepresentasikan adanya infeksi baru, sedangkan matriks transisi berisikan elemen yang merepresentasikan perubahan setiap subpopulasi (Chandra & Roudhotillah, 2021; A et al., 2021).

$$J = F - V = \begin{bmatrix} \frac{\beta A}{\mu} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \rho + \mu & -\gamma \\ -\rho & (\gamma + \delta + \mu) \end{bmatrix}$$

Nilai R_0 diperoleh dari radius spektral (ρ) yaitu nilai eigen terbesar dari *Next Generation Matrix* FV^{-1} (Muniroh et al., 2022). Matriks FV^{-1} direpresentasikan sebagai berikut.

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta A}{\mu} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \frac{1}{(\gamma + \delta + \mu)(\rho + \mu) - \gamma\rho} \begin{bmatrix} (\gamma + \delta + \mu) & \gamma \\ \rho & \rho + \mu \end{bmatrix}$$

Misalkan $x = \frac{\beta A}{\mu}$ dan $z = (\gamma + \delta + \mu)(\rho + \mu) - \gamma\rho = \gamma\mu + (\delta + \mu)(\rho + \mu)$, maka

$$FV^{-1} = \frac{1}{z} \begin{bmatrix} x(\gamma + \delta + \mu) & x\gamma \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{x(\gamma + \delta + \mu)}{z} & \frac{x\gamma}{z} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

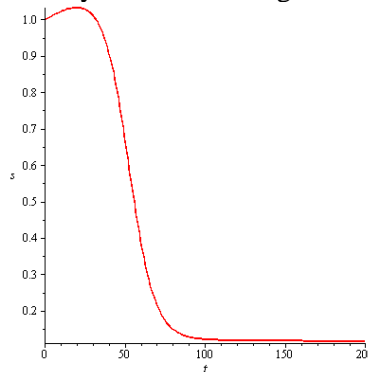
Kemudian dicari nilai eigen dari persamaan karakteristik berikut.

$$\begin{aligned} \det|FV^{-1} - \lambda I| &= 0 \\ \det \begin{bmatrix} \frac{x(\gamma + \delta + \mu)}{z} - \lambda & \frac{x\gamma}{z} \\ 0 & -\lambda \end{bmatrix} &= 0 \\ -\lambda \left(\frac{x(\gamma + \delta + \mu)}{z} - \lambda \right) &= 0 \end{aligned}$$

Dari persamaan tersebut diperoleh $\lambda_1 = 0$ dan $\lambda_2 = \frac{x(\gamma + \delta + \mu)}{z}$. Dengan demikian, nilai $R_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{x(\gamma + \delta + \mu)}{z} = \frac{\beta A(\gamma + \delta + \mu)}{\mu[\gamma\mu + (\delta + \mu)(\rho + \mu)]} = 10,52749285 > 1$, sehingga dapat disimpulkan bahwa penyakit HIV di Indonesia akan menjadi endemik.

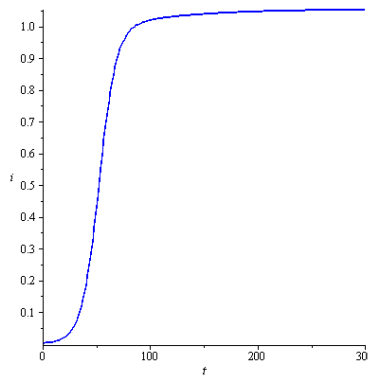
Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan menggunakan bantuan Maple18. Hasil simulasi numerik yang didasarkan pada nilai parameter dan nilai awal pada Tabel 3 dan Tabel 4 disajikan dalam Gambar 2 sampai Gambar 5. Pada setiap grafik, sumbu (x) menyatakan waktu (t) dalam tahun, sedangkan sumbu (y) menyatakan banyak individu dengan skala 1: 275.773.800 individu.



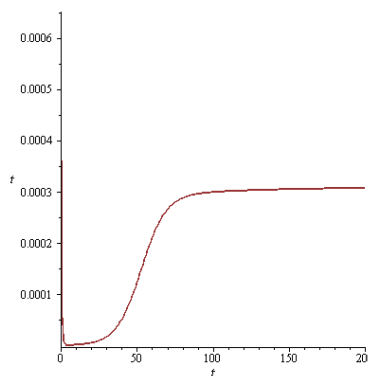
Gambar 2. Grafik Simulasi Numerik Subpopulasi *Susceptible*

Gambar 2 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *susceptible* mengalami penurunan dari nilai awal $s(0) = 0,997316$ hingga stabil di sekitar titik $0,115344245$. Hal ini sesuai dengan titik ekuilibrium endemik dari subpopulasi *susceptible*, yaitu $0,115344245$ yang setara dengan $S = sN = 0,115344245 \times 275.773.800 = 31.808.920$ individu. Seiring berjalannya waktu, jumlah individu subpopulasi *susceptible* penyakit HIV di Indonesia akan menurun dan mulai di tahun ke-120 akan stabil dalam jumlah 31.808.920 individu. Penurunan ini disebabkan oleh kematian alami dan perpindahan individu ke subpopulasi *infected*.



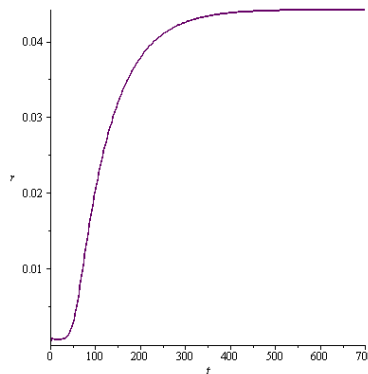
Gambar 3. Grafik Simulasi Numerik Subpopulasi *Infected*

Gambar 3 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *infected* mengalami peningkatan dari nilai awal $i(0) = 0,001910$ hingga stabil di sekitar titik $1,054426086$. Hal ini sesuai dengan titik ekuilibrium endemik dari subpopulasi *infected*, yaitu $1,054426086$ yang setara dengan $I = iN = 1,054426086 \times 275.773.800 = 290.783.088$ individu. Seiring berjalannya waktu, jumlah individu subpopulasi *infected* penyakit HIV di Indonesia akan meningkat dan mulai di tahun ke-100 akan stabil dalam jumlah $290.783.088$ individu. Peningkatan ini disebabkan oleh pemindahan individu *susceptible* yang menjadi terinfeksi HIV dan individu yang tidak rutin dan tidak melanjutkan pengobatan ARV sehingga virusnya tidak tersupresi.



Gambar 4. Grafik Simulasi Numerik Subpopulasi *Treatment*

Gambar 4 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *treatment* mengalami penurunan dari nilai awal $t_m(0) = 0.000651$ hingga stabil di sekitar titik $0,0003094415908$. Hal ini sesuai dengan titik ekuilibrium endemik dari subpopulasi *treatment*, yaitu $0,0003094415908$ yang setara dengan $T = t_mN = 0,0003094415908 \times 275.773.800 = 85.335$ individu. Seiring berjalannya waktu, jumlah individu subpopulasi *treatment* penyakit HIV di Indonesia akan mengalami penurunan dan mulai di tahun ke-80 akan stabil dalam jumlah 85.335 individu. Penurunan ini disebabkan oleh perpindahan subpopulasi *treatment* yang kembali ke subpopulasi *infected* karena tidak rutin dan berhenti menjalankan pengobatan, berpindah ke subpopulasi *recovery* karena hasil tes *viral load* tersupresi serta adanya kematian alami.



Gambar 5. Grafik Simulasi Numerik Subpopulasi *Recovery*

Gambar 5 menunjukkan bahwa grafik subpopulasi *recovery* mengalami peningkatan dari nilai awal $r(0) = 0,000122$ hingga stabil di sekitar titik $0,04420594154$. Hal ini sesuai dengan titik ekuilibrium endemik dari subpopulasi *recovery*, yaitu $0,04420594154$ yang setara dengan $R = rN = 0,04420594154 \times 275.773.800 = 12.190.840$ individu. Seiring berjalannya waktu, jumlah individu subpopulasi *recovery* penyakit HIV di Indonesia akan mengalami peningkatan dan mulai di tahun ke-300 akan stabil dalam jumlah 12.190.840 individu. Peningkatan ini disebabkan oleh perpindahan individu yang virusnya tersupresi setelah melakukan pengobatan ARV.

Secara kualitatif, grafik hasil simulasi pada penelitian ini memiliki kesamaan dengan penelitian yang dilakukan oleh Naik et al., (2020) dan Fatmawati et al., (2020). Grafik subpopulasi *susceptible* mengalami penurunan dan subpopulasi *recovery* mengalami peningkatan seperti pada penelitian yang dilakukan oleh Naik et al., (2020). Grafik subpopulasi *infected* mengalami peningkatan dan subpopulasi *treatment* mengalami penurunan seperti pada penelitian yang dilakukan oleh Fatmawati et al., (2020). Seiring berjalannya waktu, grafik semua subpopulasi stabil menuju titik ekuilibrium endemik.

SIMPULAN

Mode S_{ITR} dengan tes *viral load* untuk penyebaran penyakit HIV membagi populasi menjadi empat subpopulasi, yaitu *Susceptible* (*S*) atau subpopulasi yang rentan tertular penyakit, *Infected* (*I*) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV, *Treatment* (*T*) atau subpopulasi yang terinfeksi HIV dan mendapatkan pengobatan ARV, dan *Recovery* (*R*) atau subpopulasi yang hasil tes *viral load* tersupresi setelah menjalankan pengobatan ARV. Pada model ini, terdapat perpindahan dari subpopulasi *treatment* menuju subpopulasi *recovery* dengan laju sebesar δ . Perpindahan ini ditentukan melalui hasil tes *viral load* yang dialami oleh penderita setelah melakukan pengobatan ARV selama 6 bulan. Berdasarkan hasil tes *viral load*, diketahui bahwa penderita HIV di Indonesia tahun 2022 yang virusnya tersupresi berjumlah 33.538 jiwa.

Model S_{ITR} memiliki titik ekuilibrium bebas penyakit $E^0 = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0\right)$, titik ekuilibrium endemik $E^* = (A^*, B^*, C^*, D^*)$ dengan $A^* = \frac{\rho + \mu}{\beta} - \frac{\gamma\rho}{\beta(\gamma + \delta + \mu)}$, $B^* = \frac{A + \mu A^*}{\beta A^*}$, $C^* = \frac{\rho B^*}{(\gamma + \delta + \mu)}$, dan $D^* = \frac{\delta C^*}{\mu}$, serta bilangan reproduksi dasar $R_0 = \frac{\beta A(\gamma + \delta + \mu)}{\mu[\gamma\mu + (\delta + \mu)(\rho + \mu)]}$. Berdasarkan simulasi numerik, menunjukkan bahwa laju δ memberikan pengaruh terhadap peningkatan jumlah individu yang telah sembuh pada subpopulasi *recovery*. Berdasarkan estimasi parameter, diperoleh nilai $R_0 = 10,52749285 > 1$ yang berarti model S_{ITR} stabil asimtotik menuju titik ekuilibrium endemik E^* . Dengan demikian, penyakit HIV di Indonesia akan menjadi endemik.

Pada penelitian ini, model hanya diperuntukkan bagi penderita HIV yang langsung mendapatkan pengobatan ARV. Melalui pengobatan ARV, penyakit dapat dicegah sehingga tidak berlanjut menjadi AIDS. Penelitian selanjutnya dapat

mengembangkan model dengan mempertimbangkan adanya penderita HIV yang sudah berlanjut menjadi AIDS.

DAFTAR RUJUKAN

- A, T., Aggarwal, R., & Raj, Y. A. (2021). A fractional order HIV-TB co-infection model in the presence of exogenous reinfection and recurrent TB. *Nonlinear Dynamics*, 104(4), 4701–4725. <https://doi.org/10.1007/s11071-021-06518-9>
- Abueldahab, S. M. E., & Mutombo, F. K. (2021). SIR model and HIV/AIDS in Khartoum. *OALib*, 08(04), 1–10. <https://doi.org/10.4236/oalib.1107334>.
- Afwan, M. I. (2021). Pemodelan matematika penyebaran penyakit covid-19 dengan menggunakan model SIRS. 2.
- BPS. (2023). *Angka harapan hidup (AHH) menurut provinsi dan jenis kelamin tahun 2022*, <https://www.bps.go.id/id/statistics-table/2/NTAxIzI=/angka-harapan-hidup-laki-laki--2022.html>.
- Chandra, T. D., & Roudhotillah, D. (2021). Analisis kestabilan model penyebaran penyakit tuberkulosis dengan menggunakan MSEITR. *Jurnal Matematika*, 15(2).
- Drain, P. K., Dorward, J., Bender, A., Lillis, L., Marinucci, F., Sacks, J., Bershteyn, A., Boyle, D. S., Posner, J. D., & Garrett, N. (2019). Point-of-Care HIV viral load testing: an essential tool for a sustainable global HIV/AIDS response. *Clinical Microbiology Reviews*, 32(3), e00097-18. <https://doi.org/10.1128/CMR.00097-18>.
- Faisah, F., Toaha, S., & Kasbawati, K. (2022). Analisis kestabilan model matematika penyebaran penyakit HIV dengan klasifikasi gejala pada penderita. *Proximal: Jurnal Penelitian Matematika dan Pendidikan Matematika*, 5(2), 106–118. <https://doi.org/10.30605/proximal.v5i2.1831>
- Fatmawati, Khan, M. A., & Odinsyah, H. P. (2020). Fractional model of HIV transmission with awareness effect. *Chaos, Solitons & Fractals*, 138, 109967. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109967>.
- Gina, P., Kharis, M., & Supriyono. (2017). Pemodelan matematika pada penyebaran penyakit difteri dengan pengaruh karantina dan vaksinasi. *UNNES Journal of Mathematics*.6 (1).
- Kementerian Kesehatan RI. (2019). *Laporan perkembangan HIV AIDS & infeksi menular seksual (IMS) 2018*. https://siha.kemkes.go.id/portal/files_upload/Laporan_Triwulan_IV_2018.pdf
- Kementerian Kesehatan RI. (2023). *Laporan HIV AIDS 2022*. <https://p2p.kemkes.go.id/laporan-tahunan-hiv-aids/>.
- Lafif, M., Khaloufi, I., Benfatah, Y., Bouyaghroumi, J., Laarabi, H., & Racik, M. (2022). A mathematical SIR model on the spread of infectious diseases considering human immunity. *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience*. <https://doi.org/10.28919/cmbn/7552>
- Mukarromah, S., & Azinar, M. (2021). Penghambat kepatuhan terapi antiretroviral pada orang dengan HIV/AIDS (studi kasus pada ODHA loss to follow up therapy). *Indonesian Journal of Public Health and Nutrition*, 1(3), 396–406. <http://journal.unnes.ac.id/sju/index.php/IJPHN>.
- Mahuda, I. (2020). Model matematika penyebaran HIV/AIDS pada pengguna narkoba melalui jarum suntik. *STATMAT: JURNAL STATISTIKA DAN MATEMATIKA*, 2(1), 45. <https://doi.org/10.32493/sm.v2i1.4181>
- Mahuda, I., & Rofiroh, R. (2024). Pemodelan matematika dan analisis kestabilan model pada penyebaran HIV/AIDS tipe SITA (Susceptible, Infected, Treatment, AIDS). *JOSTECH Journal of Science and Technology*, 4(1), 7–16. <https://doi.org/10.15548/jostech.v4i1.8323>
- Masita, Darmawati, & Fardinah. (2021). Pemodelan matematika SEIqInQR pada penyebaran covid-19. *Journal of Mathematics: Theory and Applications*, 31–37. <https://doi.org/10.31605/jomta.v3i1.1375>

- Muniroh, M. A., Trisilowati, T., & Kusumawinahyu, W. M. (2022). Analisis dinamik model hepatitis B dengan sirosis hati. *Limits: Journal of Mathematics and Its Applications*, 19(1), 101. <https://doi.org/10.12962/limits.v19i1.11060>.
- Naik, P. A., Zu, J., & Owolabi, K. M. (2020). Global dynamics of a fractional order model for the transmission of HIV epidemic with optimal control. *Chaos, Solitons & Fractals*, 138, 109826. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109826>.
- Rana. P., Chaudhary. K., Chauhan. S., Barik. M., & Jha. B. K. (2022). Dynamic analysis of mother-to-child transmission of HIV and antiretroviral treatment as optimal control. *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience*. <https://doi.org/10.28919/cmbn/7428>.
- Sanusi, W., Annas, S., Pratama, Muh. I., Rifandi, Muh., & Irwan. (2021). Analysis and simulation of SIPA model for HIV-AIDS transmission. *Journal of Physics: Conference Series*, 2123(1), 012013. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/2123/1/012013>.
- Side, S., Sanusi, W., & Bohari, N. A. (2021). Pemodelan matematika SEIR penyebaran penyakit pneumonia pada balita dengan pengaruh vaksinasi di Kota Makassar. *Journal of Mathematics Computations and Statistics*, 4(1), 1. <https://doi.org/10.35580/jmathcos.v4i1.20444>
- Sitorus, R. J., Novrikasari, N., Syakurah, R. A., & Natalia, M. (2021). Efek samping terapi antiretroviral dan kepatuhan berobat penderita HIV/AIDS. *Jurnal Kesehatan*, 12(3), 389. <https://doi.org/10.26630/jk.v12i3.2869>.
- Solehdin. N., Pati. R., Broyles. L. N., Edgil. D., & Vojnov. L. (2019). considerations for developing a monitoring and evaluation framework for viral load testing. Geneva: World Helath Organization.
- Yusnita, E., & Siregar, M. A. P. (2023). Analisis dan simulasi model susceptible infective treatment recovery pada penyebaran penyakit malaria di Kota Medan. *Jurnal Lebesgue : Jurnal Ilmiah Pendidikan Matematika, Matematika dan Statistika*, 4(2), 1358–1369. <https://doi.org/10.46306/lb.v4i2.407>.
- Zahwa, N., Nabilla, U., & Nurviana, N. (2022). Model matematika SITR pada penyebaran penyakit tuberculosis di Provinsi Aceh. *Jurnal Pendidikan Matematika dan Sains*, 10(1), 8–14. <https://doi.org/10.21831/jpms.v10i1.50683>.