

ANALISIS DINAMIK MODEL KOINFEKSI PENYAKIT HEPATITIS B DAN DEMAM BERDARAH DENGUE

Nadillatul Ummah

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : nadillatul.20054@mhs.unesa.ac.id

Rudianto Artiono

Program Studi Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Surabaya
e-mail : rudiantoartiono@unesa.ac.id

Abstrak

Koinfeksi antara penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* merupakan tantangan dalam dunia medis yang membutuhkan pendekatan serius dalam diagnosis dan penanganannya. Menurut WHO, lebih dari 2 miliar orang di dunia telah terinfeksi Hepatitis B dengan angka kematian tahunan mencapai lebih dari 350 ribu orang, sementara sekitar 2,5 miliar orang berisiko terkena Demam Berdarah *Dengue*. Penelitian ini akan menganalisis model koinfeksi Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* untuk memahami interaksi antar penyakit pada dinamika penyebaran infeksi dalam populasi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat empat titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit, titik kesetimbangan endemik Hepatitis B, titik kesetimbangan endemik Demam Berdarah *Dengue*, serta titik kesetimbangan endemik koinfeksi. Bilangan reproduksi dasar ditentukan menggunakan *Next Generation Matrix*, untuk kasus titik kesetimbangan bebas penyakit menghasilkan dua bilangan reproduksi dasar, yaitu bilangan reproduksi dasar Hepatitis B (R_{01}) dan bilangan reproduksi dasar Demam Berdarah *Dengue* (R_{02}). Ketika $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$, titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil, yang berarti kedua penyakit akan hilang dari populasi dalam jangka waktu tertentu. Jika $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$, menunjukkan bahwa penyakit Hepatitis B akan tetap ada dalam populasi. Sebaliknya, jika $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$, penyakit Demam Berdarah *Dengue* akan tetap ada dalam populasi. Jika $R_{01} > 1$ dan $R_{02} > 1$, keduanya akan tetap ada dalam populasi. Hasil dari simulasi numerik yang dilakukan menggunakan MATLAB juga mendukung hasil analisis tersebut.

Kata Kunci: Hepatitis B, Demam Berdarah *Dengue*, Koinfeksi, Pemodelan Matematika.

Abstract

Coinfection between Hepatitis B and Dengue Fever is a challenge in the medical world that requires a serious approach to diagnosis and treatment. According to WHO, more than 2 billion people in the world have been infected with Hepatitis B with an annual death rate of more than 350 thousand people, while around 2.5 billion people are at risk of contracting Dengue Fever. This study will analyze the Hepatitis B and Dengue Fever coinfection model to understand the interaction between diseases on the dynamics of infection spread in the population. The results of the study show that there are four equilibrium points, namely the disease-free equilibrium point, the Hepatitis B endemic equilibrium point, the Dengue Fever endemic equilibrium point, and the coinfection endemic equilibrium point. The basic reproduction number is determined using the Next Generation Matrix, for the case of the disease-free equilibrium point producing two basic reproduction numbers, namely the Hepatitis B basic reproduction number (R_{01}) and the Dengue Fever basic reproduction number (R_{02}). When $R_{01} < 1$ and $R_{02} < 1$, the disease-free equilibrium point will be stable, meaning that both diseases will disappear from the population within a certain time. If $R_{01} > 1$ and $R_{02} < 1$, it indicates that Hepatitis B disease will remain in the population. Conversely, if $R_{01} < 1$ and $R_{02} > 1$, Dengue Fever disease will remain in the population. If $R_{01} > 1$ and $R_{02} > 1$, both will remain in the population. The results of numerical simulations conducted using MATLAB also support the analysis results.

Keywords: Hepatitis B, Dengue Hemorrhagic Fever, Coinfection, Mathematical Modeling.

PENDAHULUAN

Hepatitis merupakan penyakit yang menyebabkan peradangan pada hati yang disebabkan oleh virus atau non-virus. Sampai saat ini terdapat lima jenis penyakit Hepatitis seperti

Hepatitis A, Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D dan Hepatitis E, bahkan ada kemungkinan bertambah lebih banyak di masa depan (Sari, W, dkk. 2011). Penyakit Hepatitis dibagi menjadi dua jenis, yaitu Hepatitis menular dan Hepatitis tidak menular.

Hepatitis tidak menular adalah peradangan hati yang disebabkan oleh bahan kimia, minuman alkohol, penyalahgunaan obat-obatan dan penyakit autoimun, contohnya Hepatitis Toksik dan Hepatitis Autoimun (Larasati, Y., & Wahono, C. S., 2021). Hepatitis menular adalah peradangan hati yang disebabkan oleh virus seperti virus Hepatitis A (HAV), Hepatitis B (HBV), Hepatitis C (HCV), Hepatitis D (HDV) dan Hepatitis E (HEV) (Siswanto, 2020). Dari beberapa jenis Hepatitis, Hepatitis B merupakan infeksi pada hati dengan resiko penularan sepuluh kali lebih besar dari virus Hepatitis lainnya dan 50-100 kali lebih besar dari penularan HIV (Anaedobe, dkk, 2015).

Virus Hepatitis B dapat menyebar melalui darah, air liur, air mata, dan cairan tubuh lainnya. Virus ini merupakan virus DNA dan hingga saat ini terdapat delapan genotip yang teridentifikasi, yaitu genotip A-H. Virus Hepatitis B (HBV) memiliki tiga jenis morfologi dan dapat mengkode empat jenis antigen, yaitu HBsAg, HBeAg, HBcAg dan HBxAg (Siswanto, 2020). Gejala yang ditimbulkan dari penyakit Hepatitis B yaitu menguningnya kulit, urin berwarna gelap, merasa lelah, mual, muntah, sakit perut, bila parah hepatitis akut dapat menyebabkan gagal hati (WHO, 2023). Masa inkubasi VHB sekitar 30-180 hari. Pada fase patogenesis, lamanya masa inkubasi tergantung dari banyaknya virus yang ada dalam pasien. Jumlah virus dan usia menjadi faktor penting yang dalam menentukan keparahan akut atau kronis dari Hepatitis B. Hepatitis B adalah penyakit paling banyak terjadi di Indonesia (Siswanto, 2020).

Berdasarkan hasil Riset Kesehatan Dasar (Riskesdas), prevalensi hepatitis pada tahun 2018 diperkirakan 28 juta penduduk Indonesia terinfeksi hepatitis B dan C, dengan empat belas juta diantaranya berpotensi dapat menjadi kronis. Berdasarkan diagnosis dokter, menunjukkan bahwa sebanyak 7,1% penduduk Indonesia terinfeksi hepatitis B (Kemenkes RI, 2018). Virus Hepatitis B telah menginfeksi lebih dari dua miliar orang di dunia, dan dari jumlah tersebut, lebih dari 240 juta orang mengalami hepatitis B kronis, dengan angka kematian tahunan akibat infeksi hepatitis B mencapai lebih dari 350 ribu orang (WHO, 2018). Selain Hepatitis B, Demam Berdarah *Dengue* juga merupakan penyakit yang penyebarannya perlu diantisipasi dan diwaspadai.

Demam Berdarah *Dengue* (DBD) adalah penyakit infeksi yang disebabkan oleh virus *Dengue*, yang ditularkan melalui gigitan nyamuk betina, terutama *Aedes Aegypti* dan *Aedes Albopictus*. Virus tersebut dibagi menjadi 4 tipe, yaitu Den-1, Den 2, Den-3 dan Den-4 (Candra, A., 2010). Infeksi oleh satu tipe virus *Dengue* akan memberikan imunitas yang sementara dan parsial terhadap infeksi tipe virus lainnya. Gejala yang ditimbulkan pada penyakit Demam Berdarah *Dengue* adalah demam tinggi, mual, muntah, nyeri otot, sakit kepala dan perut terasa kembung. Pada bayi, demam tinggi dapat menimbulkan kejang (Satari, H. dan Mila, M., 2004). Masa inkubasi virus *Dengue* pada manusia (Inkubasi Intrinsik) sekitar 3-14 hari sebelum gejala awal muncul, sedangkan masa inkubasi pada nyamuk (Inkubasi Ekstrinsik) berlangsung sekitar 8-10 hari (Kurane I, 2007). Demam Berdarah *Dengue* merupakan penyakit yang ditularkan oleh nyamuk dengan pertumbuhan tercepat di seluruh dunia (Hidayat, A., dkk., 2021).

Negara beriklim tropis dan subtropis mempunyai risiko lebih tinggi tertular virus ini. Hal ini terkait dengan peningkatan suhu tinggi serta perubahan musim hujan dan kemarau yang dianggap sebagai faktor risiko infeksi virus *Dengue* (Kemenkes RI, 2011). Diperkirakan 50 hingga 100 juta orang menderita Demam Berdarah *Dengue* di seluruh dunia setiap tahunnya. Demam berdarah telah menyerang lebih dari 20 negara, dengan total lebih dari 17 ribu kasus, termasuk 225 kematian. WHO memperkirakan sekitar 2,5 miliar orang atau dua perlima populasi dunia saat ini berisiko terkena penyakit ini (WHO, 2012). Masalah Demam Berdarah *Dengue* masih menjadi perhatian di Indonesia karena tingkat kejadian Demam Berdarah *Dengue* saat ini masih belum mencapai tujuan pemerintah untuk berada di bawah 49 kasus per 100.000 penduduk. Pada tahun 2015, insiden Demam Berdarah *Dengue* mencapai 50,7 kasus per 100.000 penduduk (Kemenkes RI, 2015).

Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* (DBD) disebabkan oleh virus yang berbeda, namun seseorang yang menderita Hepatitis B juga mungkin terinfeksi virus *Dengue*. Hal ini dapat terjadi apabila penderita Hepatitis B digigit oleh nyamuk *Aedes aegypti* atau *Aedes albopictus*, yang kemudian menyebabkan infeksi virus *Dengue*. Oleh karena itu, perlu dilakukan penelitian lebih lanjut terkait koinfeksi Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*

guna mengidentifikasi strategi pengelolaan optimal. Dengan pemahaman yang lebih mendalam terhadap interaksi keduanya, penelitian ini diharapkan dapat membuka jalan menuju pengembangan pengobatan yang lebih efektif, penyusunan panduan klinis yang lebih akurat dalam menangani kasus koinfeksi, dan juga memacu upaya pencegahan yang lebih efisien.

Terdapat beberapa penelitian terdahulu yang meneliti tentang model koinfeksi diantaranya Sukma N.S dan Rudianto A. (2021), dalam penelitiannya melakukan analisis matematika untuk model koinfeksi Campak dan Covid-19. Selanjutnya ada M. Rizal dan Rudianto A. (2021) yang melakukan analisis matematika untuk koinfeksi Difteri dan Covid-19. Lalu ada Wei-Yun Shen, dkk (2021), dimana dalam penelitiannya melakukan analisis matematika untuk model koinfeksi HBV dan HCV.

Berdasarkan latar belakang tersebut, maka diperlukan pengembangan model matematika untuk memahami penyebaran koinfeksi Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*. Dengan adanya model ini, diharapkan evaluasi terhadap interaksi kedua penyakit dalam konteks epidemiologi dapat dilakukan dengan lebih baik, sehingga intervensi yang tepat dapat diterapkan untuk mengurangi angka penyebaran infeksi dalam jangka panjang. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi signifikan dalam upaya global untuk mengendalikan penyebaran Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*, serta meningkatkan kualitas hidup individu yang berisiko atau telah terinfeksi kedua penyakit ini.

KAJIAN TEORI

HEPATITIS B

Hepatitis B merupakan penyakit yang menyebabkan peradangan pada hati karena infeksi virus Hepatitis B (HBV) (Siswanto, 2020). HBV paling sering ditularkan melalui kontak seksual atau kontak dengan seseorang yang tertular, penularan yang terjadi dari ibu kepada bayinya, penggunaan alat suntik dan obat-obatan terlarang (Chin, 2010). Hepatitis B juga menular melalui darah, tinja, air liur, semen, darah menstruasi, air susu, keringat dan berbagai cairan dalam tubuh lainnya (Hastuti, A.D., 2019).

DEMAM BERDARAH *DENGUE*

Demam Berdarah *Dengue* merupakan penyakit yang disebabkan oleh virus *Dengue* yang tergolong *Arthropod-Borne Virus*, Genus *Flavivirus* dan famili *Flavifiridae*. Virus tersebut dibagi menjadi empat tipe, yaitu Den-1, Den 2, Den-3 dan Den-4 (Candra, A., 2010). Virus tersebut ditularkan kepada manusia melalui gigitan nyamuk *Aedes Aegypti* betina yang telah terinfeksi (Najmah, 2016).

HUBUNGAN VIRUS HEPATITIS B DAN VIRUS *DENGUE*

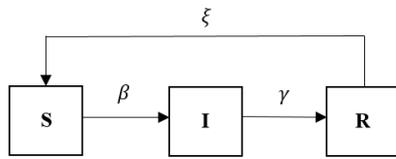
Koinfeksi antara penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* merupakan tantangan dalam dunia medis yang membutuhkan pendekatan yang serius dalam diagnosis dan penanganannya. Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* memiliki jalur penularan yang berbeda, dalam kasus koinfeksi, interaksi antara keduanya dapat meningkatkan risiko penularan dan keparahan gejala. Misalnya, perdarahan yang sering terjadi pada Demam Berdarah *Dengue* dapat memperbesar kemungkinan penularan Hepatitis B melalui kontak dengan darah yang terinfeksi. Di sisi lain, kerusakan hati yang disebabkan oleh Hepatitis B dapat mempengaruhi respons imun tubuh terhadap virus Demam Berdarah *Dengue*, yang dapat memperparah gejala dan meningkatkan risiko komplikasi.

MODEL EPIDEMIK SIRS

Untuk memodelkan penyebaran epidemi dalam suatu populasi adalah dengan mengklasifikasikan orang kedalam kelompok atau kompartemen populasi yang berbeda. Model kompartemen diatur oleh sistem persamaan diferensial berdasarkan waktu, mengelompokkannya ke dalam kelompok yang berbeda berdasarkan resiko atau status infeksi (Schmidt C., 2019).

Model tersebut melacak jumlah individu dalam kategori seperti Susceptible (S) yaitu individu sehat yang mampu tertular penyakit, Infectious (I) yaitu individu yang dapat menyebarkan patogen tersebut ke sekitarnya. Orang yang terinfeksi akan mengidap penyakit tersebut dan dapat menularkannya ke semua orang yang rentan, dan Recovered (R) yaitu Orang yang sudah sembuh tidak lagi bisa menularkan atau "dihapuskan" dari populasi. (Maia Martcheva, 2015). Model SIRS adalah model SIR dengan hilangnya kekebalan (Bounekkar. A, 2014). Dalam model SIRS, individu rentan kemudian terinfeksi, setelahnya individu tersebut menjadi

rentan kembali. Model SIRS dapat dinyatakan dalam kompartemen model berikut :



Gambar 1. Model SIRS

sehingga, sistem persamaan model tersebut adalah :

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N} + \xi R \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \xi R \end{aligned} \tag{1}$$

dimana, $N = S + I + R$ adalah total populasi

- $\frac{dS}{dt}$: Laju transmisi individu rentan pada saat t
- $\frac{dI}{dt}$: Laju transmisi individu terinfeksi pada saat t
- $\frac{dR}{dt}$: Laju transmisi individu sembuh pada saat t
- S : Populasi individu rentan
- I : Populasi individu terinfeksi
- R : Populasi individu sembuh
- β : Laju infeksi S ke I
- γ : Laju kesembuhan
- ξ : Laju transmisi R ke S

SISTEM PERSAMAAN DIFERENSIAL

Sistem persamaan diferensial merupakan sistem yang memuat n persamaan diferensial dengan n fungsi yang tidak diketahui dan n merupakan bilangan bulat positif yang lebih besar dari atau sama dengan dua (Rizal, M., & Artiono, R., 2021). Bentuk umum dari sistem persamaan diferensial adalah sebagai berikut :

$$\begin{aligned} \frac{dx_1}{dt} &= f_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ \frac{dx_2}{dt} &= f_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ &\vdots \\ \frac{dx_n}{dt} &= f_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \end{aligned} \tag{2}$$

dengan $\dot{x}(t) = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^n, f(x, t) = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^n$,

merupakan fungsi t dan x pada selang waktu t.

LINEARISASI

Kestabilan titik tetap dari sistem persamaan diferensial biasa nonlinier ditentukan dengan terlebih dahulu melakukan linierisasi disekitar titik tetapnya. Linierisasi merupakan proses pendekatan

persamaan diferensial non linier dengan persamaan linier. Hasil dari linearisasi didapatkan dengan menggunakan matriks Jacobian, dimana hasil tersebut dapat digunakan untuk menganalisa kestabilan sistem persamaan diferensial. Diberikan fungsi $f = (f_1, f_2, \dots, f_n)$ pada sistem $\dot{x} = f(x)$ dengan $f_i \in C(E), i = 1, 2, \dots, n$. Diberikan matriks jacobian dari f di titik \bar{x} sebagai berikut :

$$Jf(\bar{x}) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(\bar{x}) & \frac{\partial f_1}{\partial x_2}(\bar{x}) & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n}(\bar{x}) \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1}(\bar{x}) & \frac{\partial f_2}{\partial x_2}(\bar{x}) & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n}(\bar{x}) \\ \dots & \dots & \ddots & \dots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1}(\bar{x}) & \frac{\partial f_n}{\partial x_2}(\bar{x}) & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n}(\bar{x}) \end{bmatrix} \tag{3}$$

Sistem linear $\dot{x} = Jf(\bar{x})(x - \bar{x})$ dikatakan linearisasi sistem non-linear $\dot{x} = f(x)$ di sekitaran titik \bar{x} (Arsyad, S. H., dkk, 2020).

NILAI EIGEN DAN VEKTOR EIGEN

Nilai eigen merupakan nilai karakteristik dari suatu matriks berukuran $n \times n$ yang dinotasikan dengan λ (Mutmainnah, 2022). Jika A adalah matriks berukuran $n \times n$, maka vektor tak nol $x \in \mathbb{R}^n$ dinamakan vektor eigen dari A jika Ax adalah kelipatan skalar dari x yaitu :

$$Ax = \lambda x \tag{4}$$

dengan skalar λ dinamakan nilai eigen dari matriks A dan x adalah vektor eigen dari matriks A yang bersesuaian dengan λ .

Untuk memperoleh nilai eigen dari matriks A, maka harus menuliskan kembali persamaan (4) sebagai

$$Ax = \lambda Ix \tag{5}$$

dengan I adalah matriks identitas berukuran $n \times n$.

Persamaan (5) secara ekivalen dapat ditulis

$$(A - \lambda I) = 0 \tag{6}$$

Supaya λ menjadi nilai eigen, maka harus ada pemecahan tak nol dari persamaan ini. Sehingga persamaan (6) akan mempunyai pemecahan tak nol jika dan hanya jika

$$\det(A - \lambda I) x = 0 \tag{7}$$

Persamaan (7) disebut persamaan karakteristik dari matriks A (Matthews, 2012).

TITIK KESETIMBANGAN DAN ANALISIS KESETIMBANGAN

Suatu sistem persamaan diferensial dianggap setimbang jika sistemnya tetap sepanjang waktu (konstan). Dalam model penyebaran virus, terdapat dua titik kesetimbangan, yakni titik bebas penyakit

dan titik endemik penyakit. Titik bebas penyakit merupakan keadaan di mana tidak ada lagi serangan virus, artinya tidak ada yang terinfeksi virus penyakit. Sementara titik endemik penyakit adalah kondisi di mana virus selalu ada, sehingga setidaknya ada satu individu yang terinfeksi virus penyakit secara terus-menerus (Indrayani, D., 2021).

Analisis kestabilan dilakukan untuk menggambarkan perilaku sistem pada titik kesetimbangan. Keadaan setimbang dianggap stabil jika solusi-solusi yang berdekatan dengan titik kesetimbangan cenderung menuju ke titik tersebut. Kestabilan dari titik kesetimbangan dapat ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks Jacobian.

BILANGAN REPRODUKSI DASAR R_0

Bilangan reproduksi dasar (*Basic Reproduction Number*), yang disimbolkan sebagai R_0 , didefinisikan sebagai bilangan yang menunjukkan rata-rata individu baru yang dapat terinfeksi karena keberadaan individu yang sudah terinfeksi yang memasuki populasi individu yang rentan (Giesecke, 2017). Jika nilai R_0 kurang dari satu ($R_0 < 1$), maka satu individu yang terinfeksi penyakit akan menginfeksi kurang dari satu individu rentan sehingga penyakit tersebut kemungkinan akan hilang dari populasi atau individu yang terinfeksi oleh penyakit tersebut kemungkinan tidak ada dalam populasi. Sebaliknya, jika nilai R_0 lebih dari satu ($R_0 > 1$), maka satu individu yang terinfeksi penyakit tersebut akan menginfeksi lebih dari satu individu rentan sehingga individu yang terinfeksi dalam populasi akan menyebar ke populasi (Rizky, N.M., 2015). Salah satu metode yang digunakan untuk menentukan nilai R_0 menggunakan metode *The Next Generation Matrix*.

Metode NGM untuk menentukan nilai R_0 diawali dengan memisalkan \mathcal{F} merupakan matriks dengan entri nilai parameter yang menyebabkan munculnya penyakit, dan \mathcal{V} merupakan matriks dengan entri nilai parameter tingkat perpindahan dari sub populasi terinfeksi ke subpopulasi yang lainnya, dimana \mathcal{F} dan \mathcal{V} merupakan matriks $n \times n$. Sehingga diperoleh $F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j} (x_0) \right]$ dan $V = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j} (x_0) \right]$ dengan $1 \leq i, j \leq m$, dimana x_j merupakan populasi infeksi dan x_0 merupakan titik kesetimbangan bebas penyakit (Driessche & Watmough, 2002). Selanjutnya didefinisikan bahwa K merupakan *Next Generation*

Matrix, sehingga R_0 didapatkan dengan mencari nilai maksimum modulus dari nilai eigen K (Diekmann, Heesterbeek, & Roberts, 2010).

METODE

Penelitian ini merupakan studi literatur yang mengkaji konsep dan teori mengenai analisis matematika model koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* dengan menggunakan berbagai sumber literature yang dilakukan dengan tahapan sebagai berikut : (1) studi literatur; (2) menyusun asumsi dan batasan umum masalah; (3) merekonstruksi model matematika dari penyebaran penyakit; (4) menentukan titik kesetimbangan dan R_0 ; (5) menganalisa jenis kestabilan; (6) simulasi; (7) menarik kesimpulan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

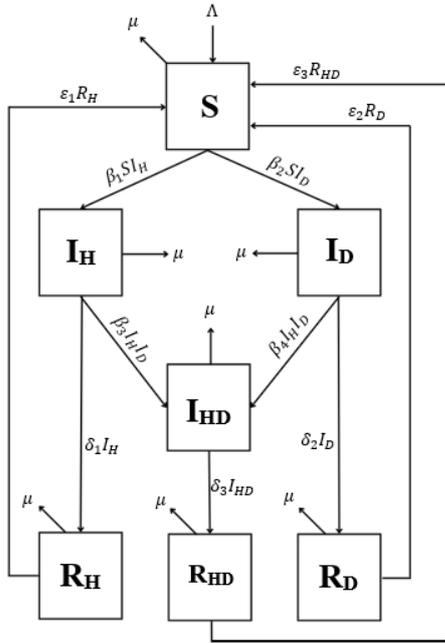
KONSTRUKSI MODEL MATEMATIKA

Model SIR menjadi dasar untuk membangun model penyebaran koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* yang melibatkan kompartemen populasi manusia dengan tujuh kondisi yaitu S menyatakan populasi manusia rentan (*Susceptible*), I_H menyatakan populasi manusia terinfeksi penyakit Hepatitis B, I_D menyatakan populasi manusia terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue*, I_{HD} menyatakan populasi manusia terinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*, R_H menyatakan populasi manusia sembuh dari penyakit Hepatitis B, R_D menyatakan populasi manusia sembuh dari penyakit Demam Berdarah *Dengue* dan R_{HD} menyatakan populasi manusia sembuh dari penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*.

Sebelum menyusun model, perlu adanya asumsi untuk menghasilkan kondisi ideal dan memberikan batasan terhadap pembentukan model seperti (1) populasi bersifat tertutup, (2) tingkat rekrutmen pada populasi manusia rentan adalah konstan, (3) semua populasi bercampur secara homogen, (4) terjadi kematian natural di setiap kompartemen, (5) tidak ada kematian yang disebabkan penyakit, (6) populasi manusia rentan dapat terinfeksi penyakit hepatitis b dan demam berdarah *dengue* pada waktu yang bersamaan, (7) populasi manusia terinfeksi penyakit hepatitis b dan demam berdarah *dengue*

sembuh pada waktu yang bersamaan, (8) terjadi reinfeksi.

Berdasarkan asumsi di atas dapat dibuat diagram kompartemen SIRS dari penyebaran koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* sebagai berikut :



Gambar 2. Model Kompartemen Koinfeksi Penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*

Berdasarkan model kompartemen pada gambar 2,

maka dapat dibentuk model matematika yaitu :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \Lambda + \varepsilon_1 R_H + \varepsilon_2 R_D + \varepsilon_3 R_{HD} - \beta_1 S I_H - \beta_2 S I_D - \mu S \\
 \frac{dI_H}{dt} &= \beta_1 S I_H - \beta_3 I_H I_D - \delta_1 I_H - \mu I_H \\
 \frac{dI_D}{dt} &= \beta_2 S I_D - \beta_4 I_H I_D - \delta_2 I_D - \mu I_D \\
 \frac{dI_{HD}}{dt} &= \beta_3 I_H I_D + \beta_4 I_H I_D - \delta_3 I_{HD} - \mu I_{HD} \\
 \frac{dR_H}{dt} &= \delta_1 I_H - \varepsilon_1 R_H - \mu R_H \\
 \frac{dR_D}{dt} &= \delta_2 I_D - \varepsilon_2 R_D - \mu R_D \\
 \frac{dR_{HD}}{dt} &= \delta_3 I_{HD} - \varepsilon_3 R_{HD} - \mu R_{HD}
 \end{aligned}
 \tag{8}$$

dengan ,

- S : Populasi manusia rentan (*Susceptible*)
- I_H : Populasi manusia terinfeksi penyakit Hepatitis B
- I_D : Populasi manusia terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue*
- I_{HD} : Populasi manusia terinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*
- R_H : Populasi manusia sembuh dari penyakit Hepatitis B
- R_D : Populasi manusia sembuh dari penyakit Demam Berdarah *Dengue*

R_H : Populasi manusia sembuh dari penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*

Λ : Laju kelahiran alami

μ : Laju kematian alami

β_1 : Laju transmisi antara populasi rentan dan populasi terinfeksi penyakit Hepatitis B

β_2 : Laju transmisi antara populasi rentan dan populasi terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue*

β_3 : Laju transmisi antara populasi rentan dan populasi terinfeksi penyakit Hepatitis B dan populasi terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue*

β_4 : Laju transmisi antara populasi rentan dan populasi terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue* dan populasi terinfeksi penyakit Hepatitis B

δ_1 : Laju kesembuhan dari penyakit Hepatitis B

δ_2 : Laju kesembuhan dari penyakit Demam Berdarah *Dengue*

δ_3 : Laju kesembuhan dari penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*

ε_1 : Laju transmisi dari populasi sembuh mengalami reinfeksi penyakit Hepatitis B

ε_2 : Laju transmisi dari populasi sembuh mengalami reinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue*

ε_3 : Laju transmisi dari populasi sembuh mengalami reinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*

Pada penelitian ini, semua parameter diasumsikan bernilai positif.

TITIK KESETIMBANGAN

Titik kesetimbangan pada model penyebaran koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* dapat ditentukan dengan membuat ruas kanan pada setiap persamaan (8) sama dengan nol, sehingga diperoleh 4 titik kesetimbangan sebagai berikut :

1. Titik kesetimbangan bebas penyakit

$$\text{Titik Kritis 1} = \left\{ S = \frac{\Lambda}{\mu}, I_H = 0, I_D = 0, I_{HD} = 0, R_H = 0, R_D = 0, R_{HD} = 0 \right\}.$$

2. Titik kesetimbangan endemik penyakit Hepatitis B

Titik Kritis 2 = $\left\{ S = \frac{\delta_1 + \mu}{\beta_1}, I_H = \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)(\varepsilon_1 + \mu)}{\beta_1\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)}, I_D = 0, I_{HD} = 0, R_H = \frac{\delta_1(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)}{\beta_1\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)}, R_D = 0, R_{HD} = 0 \right\}$.

3. Titik kesetimbangan endemik penyakit Demam Berdarah *Dengue*

Titik Kritis 3 = $\left\{ S = \frac{\delta_2 + \mu}{\beta_2}, I_H = 0, I_D = \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)(\varepsilon_2 + \mu)}{\beta_2\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)}, I_{HD} = 0, R_H = 0, R_D = \frac{\delta_2(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)}{\beta_2\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)}, R_{HD} = 0 \right\}$.

4. Titik kesetimbangan endemik koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*

Titik Kritis 4 = $\left\{ S = \frac{1}{(\beta_1 I_H^* + \beta_2 I_D^* + \mu)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu)} (\Lambda(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 \delta_1 I_H^*)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\delta_2 \varepsilon_2 I_D^*)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\beta_3 + \beta_4) \delta_3 \varepsilon_3 I_H^* I_D^*), I_H = I_H^*, I_D = I_D^*, I_{HD} = \frac{(\beta_3 + \beta_4) I_H^* I_D^*}{\delta_3 + \mu}, R_H = \frac{\delta_1 I_H^*}{\varepsilon_1 + \mu}, R_D = \frac{\delta_2 I_D^*}{\varepsilon_2 + \mu}, R_{HD} = \frac{(\beta_3 + \beta_4) \delta_3 I_H^* I_D^*}{(\delta_3 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)} \right\}$.

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R₀)

Bilangan reproduksi dasar (R₀) akan ditentukan menggunakan *Next Generation Matrix* (NGM). Konstruksi NGM dilakukan pada individu yang terinfeksi saja. Terdapat matriks \mathcal{F} yang menunjukkan tingkat individu baru yang terinfeksi penyakit yaitu :

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \beta_1 S I_H - \beta_3 I_H I_D \\ \beta_2 S I_D - \beta_4 I_H I_D \\ \beta_3 I_H I_D + \beta_4 I_H I_D \end{bmatrix} \tag{9}$$

sehingga, diperoleh matriks \mathbf{F} yang merupakan hasil dari matriks Jacobian dari \mathcal{F} sebagai berikut :

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} \beta_1 S - \beta_3 I_D & -\beta_3 I_H & 0 \\ -\beta_4 I_D & \beta_2 S - \beta_4 I_H & 0 \\ \beta_3 I_D + \beta_4 I_D & \beta_3 I_H + \beta_4 I_H & 0 \end{bmatrix} \tag{10}$$

Selanjutnya terdapat matriks \mathcal{V} yang menunjukkan matriks dari tingkat penurunan individu terinfeksi yaitu.:

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix} (\delta_1 + \mu) I_H \\ (\delta_2 + \mu) I_D \\ (\delta_3 + \mu) I_{HD} \end{bmatrix} \tag{11}$$

sehingga, diperoleh matriks \mathbf{V} yang merupakan hasil dari matriks Jacobian dari \mathcal{V} sebagai berikut :

$$\mathbf{V} = \begin{bmatrix} \delta_1 + \mu & 0 & 0 \\ 0 & \delta_2 + \mu & 0 \\ 0 & 0 & \delta_3 + \mu \end{bmatrix} \tag{12}$$

Sehingga *Next Generation Matrix*-nya diperoleh

$$\mathbf{K} = \mathbf{FV}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta_1 S - \beta_3 I_D}{\delta_1 + \mu} & \frac{-\beta_3 I_H}{\delta_2 + \mu} & 0 \\ \frac{-\beta_4 I_D}{\delta_1 + \mu} & \frac{\beta_2 S - \beta_4 I_H}{\delta_2 + \mu} & 0 \\ \frac{\beta_3 I_D + \beta_4 I_D}{\delta_1 + \mu} & \frac{\beta_3 I_H + \beta_4 I_H}{\delta_2 + \mu} & 0 \end{bmatrix} \tag{13}$$

Perhitungan bilangan reproduksi dasar pada skripsi ini hanya akan dilakukan pada titik kritis bebas penyakit yaitu $\left\{ S = \frac{\Lambda}{\mu}, I_H = 0, I_D = 0, I_{HD} = 0, R_H = 0, R_D = 0, R_{HD} = 0 \right\}$. Substitusi titik kesetimbangan ini pada matriks \mathbf{K} , sehingga diperoleh.

$$\mathbf{K} = \begin{bmatrix} \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\delta_1 + \mu)} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\delta_2 + \mu)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \tag{14}$$

Selanjutnya menentukan nilai eigen dari \mathbf{K} untuk menentukan bilangan reproduksi dasar, diperoleh nilai eigen sebagai berikut :

$$\lambda_1 = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\delta_1 + \mu)}, \lambda_2 = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\delta_2 + \mu)}, \lambda_3 = 0 \tag{15}$$

λ_1 dan λ_2 merupakan nilai eigen dominan sehingga diperoleh 2 bilangan reproduksi dasar yaitu $\lambda_1 = R_{01} = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\delta_1 + \mu)}$ sebagai bilangan reproduksi dasar untuk penyakit Hepatitis B sedangkan $\lambda_2 = R_{02} = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\delta_2 + \mu)}$ sebagai bilangan reproduksi dasar untuk penyakit Demam Berdarah *Dengue*.

ANALISIS KESTABILAN TITIK KESETIMBANGAN

Dari persamaan (8) dan titik kesetimbangan bebas penyakit, diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut :

$$J_1 = \begin{bmatrix} -\mu & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_2 & \varepsilon_3 \\ 0 & a_{22} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{33} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_2 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \delta_3 & 0 & 0 & a_{77} \end{bmatrix} \tag{16}$$

dimana :

$$a_{12} = -\frac{\Lambda\beta_1}{\mu}$$

$$a_{13} = -\frac{\Lambda\beta_2}{\mu}$$

$$a_{22} = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu} - \delta_1 - \mu$$

$$a_{33} = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu} - \delta_2 - \mu$$

$$a_{44} = -\delta_3 - \mu$$

$$a_{55} = -\varepsilon_1 - \mu$$

$$a_{66} = -\varepsilon_2 - \mu$$

$$a_{77} = -\varepsilon_3 - \mu$$

Analisis kestabilan diperoleh dengan menganalisis nilai eigen pada titik kesetimbangan bebas penyakit. Dari matriks Jacobian di atas, diperoleh 7 nilai eigen sebagai berikut :

1. $\lambda_{01} = -\mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{01} akan selalu bernilai negatif.
2. $\lambda_{02} = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu} - \delta_1 - \mu$, nilai eigen λ_{02} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut :

$$\frac{\Lambda\beta_1}{\mu\delta_1 + \mu^2} < 1$$
3. $\lambda_{03} = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu} - \delta_2 - \mu$, nilai eigen λ_{03} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut :

$$\frac{\Lambda\beta_2}{\mu\delta_2 + \mu^2} < 1$$
4. $\lambda_{04} = -\delta_3 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{04} akan selalu bernilai negatif.
5. $\lambda_{05} = -\varepsilon_1 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{05} akan selalu bernilai negatif.
6. $\lambda_{06} = -\varepsilon_2 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{06} akan selalu bernilai negatif.
7. $\lambda_{07} = -\varepsilon_3 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{07} akan selalu bernilai negatif.

Titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil jika dipenuhi syarat untuk λ_{02} dan λ_{03} . Selanjutnya akan ditunjukkan analisis titik kesetimbangan endemik penyakit Hepatitis B. Dari persamaan (8) dan titik kesetimbangan endemik penyakit Hepatitis B, diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut :

$$J_2 = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_2 & \varepsilon_3 \\ a_{21} & 0 & a_{23} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{33} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{43} & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_2 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \delta_3 & 0 & 0 & a_{77} \end{bmatrix} \quad (17)$$

dimana :

$$a_{11} = -\frac{(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)(\varepsilon_1 + \mu)}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} - \mu$$

$$a_{12} = -\delta_1 - \mu$$

$$a_{13} = -\frac{\beta_2(\delta_1 + \mu)}{\beta_1}$$

$$a_{21} = \frac{(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)(\varepsilon_1 + \mu)}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)}$$

$$a_{23} = -\frac{\beta_3(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)(\varepsilon_1 + \mu)}{\beta_1\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)}$$

$$a_{33} = \frac{\beta_2(\delta_1 + \mu)}{\beta_1} - \frac{\beta_4(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)(\varepsilon_1 + \mu)}{\beta_1\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} - \delta_2 - \mu$$

$$a_{43} = \frac{(\beta_3 + \beta_4)(\Lambda\beta_1 - \mu\delta_1 - \mu^2)(\varepsilon_1 + \mu)}{\beta_1\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)}$$

$$a_{44} = -\delta_3 - \mu$$

$$a_{55} = -\varepsilon_1 - \mu$$

$$a_{66} = -\varepsilon_2 - \mu$$

$$a_{77} = -\varepsilon_3 - \mu$$

Analisis kestabilan diperoleh dengan menganalisis nilai eigen pada titik kesetimbangan endemik penyakit Hepatitis B. Dari matriks Jacobian di atas, diperoleh 7 nilai eigen sebagai berikut :

1. $\lambda_{11} = -\frac{1}{\beta_1\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} (\Lambda\beta_1\beta_4\varepsilon_1 + \Lambda\beta_1\beta_4\mu + \delta_2\beta_1\mu\delta_1 + \delta_2\beta_1\mu\varepsilon_1 + \delta_2\beta_1\mu^2 + \mu^2\beta_1\delta_1 + \mu^2\beta_1\varepsilon_1 + \mu^3\beta_1 - \beta_2\delta_1^2\mu - \beta_2\delta_1\mu\varepsilon_1 - 2\beta_2\delta_1\mu^2 - \beta_2\mu^2\varepsilon_1 - \beta_2\mu^3 - \beta_4\mu\delta_1\varepsilon_1 - \beta_4\mu^2\varepsilon_1 - \beta_4\mu^2\delta_1 - \beta_4\mu^3)$, nilai eigen λ_{11} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut :

$$\frac{A}{B} < 1$$

dengan,

$$A = \beta_2\delta_1^2\mu + \beta_2\delta_1\mu\varepsilon_1 + 2\beta_2\delta_1\mu^2 + \beta_2\mu^2\varepsilon_1 + \beta_2\mu^3 + \beta_4\mu\delta_1\varepsilon_1 + \beta_4\mu^2\varepsilon_1 + \beta_4\mu^2\delta_1 + \beta_4\mu^3 \text{ dan}$$

$$B = \Lambda\beta_1\beta_4\varepsilon_1 + \Lambda\beta_1\beta_4\mu + \delta_2\beta_1\mu\delta_1 + \delta_2\beta_1\mu\varepsilon_1 + \delta_2\beta_1\mu^2 + \mu^2\beta_1\delta_1 + \mu^2\beta_1\varepsilon_1 + \mu^3\beta_1$$

2. $\lambda_{12} = -\mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{12} akan selalu bernilai negatif.
3. $\lambda_{13} = -\delta_3 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{13} akan selalu bernilai negatif.
4. $\lambda_{14} = -\varepsilon_2 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{14} akan selalu bernilai negatif.
5. $\lambda_{15} = -\varepsilon_3 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{15} akan selalu bernilai negatif.

$$6. \lambda_{16} = -\frac{1}{2} \frac{1}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} \left((\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1) + \left(((\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1))^2 - 4(\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)(\mu + \varepsilon_1)(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)(\Lambda\beta_1 - \delta_1\mu - \mu))^{\frac{1}{2}} \right) \right)$$

$$7. \lambda_{17} = -\frac{1}{2} \frac{1}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} \left((\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1) - \left(((\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1))^2 - 4(\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)(\mu + \varepsilon_1)(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)(\Lambda\beta_1 - \delta_1\mu - \mu))^{\frac{1}{2}} \right) \right)$$

Analisis kestabilan untuk dua nilai eigen dapat diperoleh dari persamaan kuadrat $a\lambda^2 + b\lambda + c = 0$, dengan syarat $\lambda_{16} < 0$ dan $\lambda_{17} < 0$. Kondisi ini dapat terjadi ketika $-\frac{b}{a} < 0$ dan $\frac{c}{a} < 0$ yang diperoleh dari penjumlahan serta perkalian akar persamaan kuadrat.

$$\lambda_{16} + \lambda_{17} < 0$$

$$\lambda_{16} \times \lambda_{17} < 0$$

Dengan menggunakan rumus akar persamaan kuadrat diperoleh :

$$\lambda_{16} = \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$$

$$\lambda_{17} = \frac{-b - \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$$

Dari persamaan diatas diperoleh nilai :

$$a = \mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)$$

$$b = (\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1)$$

$$c = (\mu + \varepsilon_1)(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)(\Lambda\beta_1 - \delta_1\mu - \mu)$$

sehingga,

$$-\frac{b}{a} < 0$$

$$\frac{-(\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1)}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} < 0, \text{ dan}$$

$$\frac{c}{a} < 0$$

$$\frac{(\mu + \varepsilon_1)(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)(\Lambda\beta_1 - \delta_1\mu - \mu)}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} < 0$$

$$(\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 - \delta_1\mu - \mu) < 0$$

$$\Lambda\beta_1 - \delta_1\mu - \mu < 0$$

$$\frac{\Lambda\beta_1}{\delta_1\mu + \mu} < 1$$

nilai eigen λ_{16} dan λ_{17} akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut $\frac{-(\mu + \varepsilon_1)(\Lambda\beta_1 + \mu\varepsilon_1)}{\mu(\delta_1 + \varepsilon_1 + \mu)} < 0$

$$\text{dan } \frac{\Lambda\beta_1}{\delta_1\mu + \mu} < 1$$

Titik kesetimbangan endemik penyakit Hepatitis B akan stabil jika dipenuhi syarat untuk $\lambda_{11}, \lambda_{16}$ dan λ_{17} . Selanjutnya akan ditunjukkan analisis titik kesetimbangan endemik penyakit Demam Berdarah

Dengue. Dari persamaan (8) dan titik kesetimbangan endemik penyakit Demam Berdarah *Dengue*, diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut :

$$J_3 = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_2 & \varepsilon_3 \\ 0 & a_{22} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ a_{31} & a_{32} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & a_{42} & 0 & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_2 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \delta_3 & 0 & 0 & a_{77} \end{bmatrix} \quad (18)$$

dimana :

$$a_{11} = -\frac{(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)(\varepsilon_2 + \mu)}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} - \mu$$

$$a_{12} = -\frac{\beta_1(\delta_2 + \mu)}{\beta_2}$$

$$a_{13} = -\delta_2 - \mu$$

$$a_{22} = \frac{\beta_1(\delta_2 + \mu)}{\beta_2} - \frac{\beta_3(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)(\varepsilon_2 + \mu)}{\beta_2\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} - \delta_1 - \mu$$

$$a_{31} = \frac{(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)(\varepsilon_2 + \mu)}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)}$$

$$a_{32} = -\frac{\beta_4(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)(\varepsilon_2 + \mu)}{\beta_2\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)}$$

$$a_{42} = \frac{(\beta_3 + \beta_4)(\Lambda\beta_2 - \mu\delta_2 - \mu^2)(\varepsilon_2 + \mu)}{\beta_2\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)}$$

$$a_{44} = -\delta_3 - \mu$$

$$a_{55} = -\varepsilon_1 - \mu$$

$$a_{66} = -\varepsilon_2 - \mu$$

$$a_{77} = -\varepsilon_1 - \mu$$

Analisis kestabilan diperoleh dengan menganalisis nilai eigen pada titik kesetimbangan endemik penyakit Demam Berdarah *Dengue*. Dari matriks Jacobian di atas, diperoleh 7 nilai eigen sebagai berikut :

$$1. \lambda_{21} = -\frac{1}{\beta_2\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} (\Lambda\beta_2\beta_3\varepsilon_2 + \Lambda\beta_2\beta_3\mu + \delta_1\beta_2\mu\delta_2 + \delta_1\beta_2\mu\varepsilon_1 + \delta_1\beta_2\mu^2 + \mu^2\beta_2\delta_2 + \mu^2\beta_2\varepsilon_2 + \mu^3\beta_2 - \beta_1\delta_2^2\mu - \beta_1\delta_2\mu\varepsilon_2 - 2\beta_1\delta_2\mu^2 - \beta_1\mu^2\varepsilon_2 - \beta_1\mu^3 - \beta_3\mu\delta_2\varepsilon_2 - \beta_3\mu^2\varepsilon_2 - \beta_3\mu^2\delta_2 - \beta_3\mu^3), \text{ nilai eigen } \lambda_{21} \text{ akan bernilai negatif jika dipenuhi syarat berikut :}$$

$$\frac{C}{D} < 1$$

dengan,

$$C = \beta_1\delta_2^2\mu + \beta_1\delta_2\mu\varepsilon_2 + 2\beta_1\delta_2\mu^2 + \beta_1\mu^2\varepsilon_2 + \beta_1\mu^3 + \beta_3\mu\delta_2\varepsilon_2 + \beta_3\mu^2\varepsilon_2 + \beta_3\mu^2\delta_2 + \beta_3\mu^3 \text{ dan}$$

$$D = \Lambda\beta_2\beta_3\varepsilon_2 + \Lambda\beta_2\beta_3\mu + \delta_1\beta_2\mu\delta_2 + \delta_1\beta_2\mu\varepsilon_1 + \delta_1\beta_2\mu^2 + \mu^2\beta_2\delta_2 + \mu^2\beta_2\varepsilon_2 + \mu^3\beta_2$$

$$2. \lambda_{22} = -\mu, \text{ karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka } \lambda_{22} \text{ akan selalu bernilai negatif.}$$

3. $\lambda_{23} = -\delta_3 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{23} akan selalu bernilai negatif.
4. $\lambda_{24} = -\varepsilon_1 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{24} akan selalu bernilai negatif.
5. $\lambda_{25} = -\varepsilon_3 - \mu$, karena setiap parameter pada model bernilai positif, maka λ_{25} akan selalu bernilai negatif.

$$6. \lambda_{26} = -\frac{1}{2} \frac{1}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} \left((\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2) + \left(((\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2))^2 - 4(\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)(\mu + \varepsilon_2)(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)(\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu)) \right)^{1/2} \right)$$

$$7. \lambda_{27} = -\frac{1}{2} \frac{1}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} \left((\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2) - \left(((\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2))^2 - 4(\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)(\mu + \varepsilon_2)(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)(\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu)) \right)^{1/2} \right)$$

Analisis kestabilan untuk dua nilai eigen dapat diperoleh dari persamaan kuadrat $a\lambda^2 + b\lambda + c = 0$, dengan syarat $\lambda_{26} < 0$ dan $\lambda_{27} < 0$. Kondisi ini dapat terjadi ketika $-\frac{b}{a} < 0$ dan $\frac{c}{a} < 0$ yang diperoleh dari penjumlahan serta perkalian akar akar persamaan kuadrat.

$$\lambda_{26} + \lambda_{27} < 0$$

$$\lambda_{26} \times \lambda_{27} < 0$$

Dengan menggunakan rumus akar persamaan kuadrat diperoleh :

$$\lambda_{26} = \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$$

$$\lambda_{27} = \frac{-b - \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$$

Dari persamaan diatas diperoleh nilai :

$$a = \mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)$$

$$b = (\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2)$$

$$c = (\mu + \varepsilon_2)(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)(\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu)$$

sehingga,

$$-\frac{b}{a} < 0$$

$$\frac{-(\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2)}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} < 0, \text{ dan}$$

$$\frac{c}{a} < 0$$

$$\frac{(\mu + \varepsilon_2)(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)(\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu)}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} < 0$$

$$(\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu) < 0$$

$$(\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu) < 0$$

$$\Lambda\beta_2 - \delta_2\mu - \mu < 0$$

$$\frac{\Lambda\beta_2}{\delta_2\mu + \mu} < 1$$

nilai eigen λ_{26} dan λ_{27} akan bernilai negatif

jika dipenuhi syarat berikut $\frac{-(\mu + \varepsilon_2)(\Lambda\beta_2 + \mu\varepsilon_2)}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} < 0$

$$\text{dan } \frac{\Lambda\beta_2}{\delta_2\mu + \mu} < 1$$

Titik kesetimbangan endemik penyakit Demam Berdarah *Dengue* akan stabil jika dipenuhi syarat untuk λ_{21} , λ_{26} dan λ_{27} . Selanjutnya akan ditunjukkan analisis titik kesetimbangan endemik koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*. Dari persamaan (8) dan titik kesetimbangan endemik ko-infeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*, diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut :

$$J_4 = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & 0 & \varepsilon_1 & \varepsilon_2 & \varepsilon_3 \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & a_{42} & a_{43} & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_1 & 0 & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_2 & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \delta_3 & 0 & 0 & a_{77} \end{bmatrix} \quad (19)$$

dimana :

$$a_{11} = -\beta_1 I_H^* - \beta_2 I_D^* - \mu$$

$$a_{12} =$$

$$-\beta_1 \frac{1}{(\beta_1 I_H^* + \beta_2 I_D^* + \mu)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) (\Lambda(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 \delta_1 I_H^*)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\delta_2 \varepsilon_2 I_D^*)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\beta_3 + \beta_4) \delta_3 \varepsilon_3 I_H^* I_D^*)}$$

$$a_{13} =$$

$$-\beta_2 \frac{1}{(\beta_1 I_H^* + \beta_2 I_D^* + \mu)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) (\Lambda(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 \delta_1 I_H^*)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\delta_2 \varepsilon_2 I_D^*)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\beta_3 + \beta_4) \delta_3 \varepsilon_3 I_H^* I_D^*)}$$

$$a_{21} = \beta_1 I_H^*$$

$$a_{22} =$$

$$\frac{\beta_1}{(\beta_1 I_H^* + \beta_2 I_D^* + \mu)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) (\Lambda(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 \delta_1 I_H^*)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\delta_2 \varepsilon_2 I_D^*)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\beta_3 + \beta_4) \delta_3 \varepsilon_3 I_H^* I_D^*)} - \beta_3 I_D^* - \delta_1 - \mu$$

$$a_{23} = -\beta_3 I_H^*$$

$$a_{31} = \beta_2 I_D^*$$

$$a_{32} = -\beta_4 I_D^*$$

$$a_{33} =$$

$$\frac{\beta_2}{(\beta_1 I_H^* + \beta_2 I_D^* + \mu)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) (\Lambda(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 \delta_1 I_H^*)(\varepsilon_2 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\delta_2 \varepsilon_2 I_D^*)(\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_3 + \mu)(\delta_3 + \mu) + (\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\beta_3 + \beta_4) \delta_3 \varepsilon_3 I_H^* I_D^*)}$$

$$\begin{aligned} & \mu) + (\varepsilon_1 + \mu)(\varepsilon_2 + \mu)(\beta_3 + \beta_4)\delta_3\varepsilon_3I_H^*I_D^* - \beta_4I_H^* - \\ & \delta_2 - \mu \\ a_{42} &= (\beta_3 + \beta_4)I_D^* \\ a_{43} &= (\beta_3 + \beta_4)I_H^* \\ a_{44} &= -\delta_3 - \mu \\ a_{55} &= -\varepsilon_1 - \mu \\ a_{66} &= -\varepsilon_2 - \mu \end{aligned}$$

Analisis kestabilan diperoleh dengan menganalisis nilai eigen pada titik kesetimbangan endemik koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*. Dari matriks Jacobian di atas, diperoleh 7 nilai eigen. Namun, analisis nilai eigen ini tidak dapat dijabarkan karena kompleksitas analisis ini, perhitungan nilai eigen dilakukan dengan bantuan aplikasi Maple.

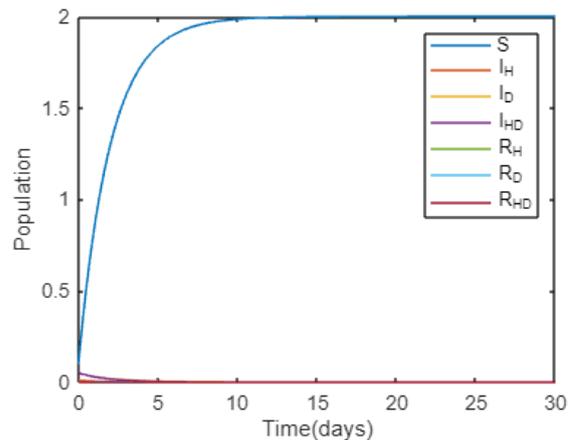
SIMULASI NUMERIK

Simulasi numerik ini bertujuan untuk mengetahui perilaku setiap populasi pada model ketika terjadi penyebaran penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue*. Simulasi menggunakan parameter yang diperoleh dari beberapa sumber referensi serta asumsi yang disajikan pada tabel berikut :

Tabel 1 : Nilai dan Sumber Parameter

Parameter	Nilai	Sumber
Λ	1	Asumsi
μ	0,5	Asumsi
β_1	0,35	Side, S, dkk., 2020
β_2	$\frac{1}{10}$	Jannah, M., 2020
β_3	$\frac{1}{10}$	Asumsi
β_4	0,35	Asumsi
δ_1	0,3	Side, S, dkk., 2020
δ_2	$\frac{1}{21}$	Jannah, M., 2020
δ_3	$\frac{1}{42}$	Asumsi
ε_1	0,2	Side, S, dkk., 2020
ε_2	$\frac{1}{14}$	Jannah, M., 2020
ε_3	$\frac{1}{365}$	Asumsi

Dengan nilai awal $S(0) = 0,1; I_H(0) = 0,01; I_D(0) = 0,05; I_{HD}(0) = 0,05; R_H(0) = 0; R_D(0) = 0; R_{HD}(0) = 0$. Berikut merupakan simulasi yang dilakukan menggunakan *software* MATLAB *Online* dengan menggunakan ODE45. diperoleh $R_{01} = 0,875$ dan $R_{02} = 0,365$ serta pada analisis kestabilan diperoleh nilai eigen yaitu $\lambda_{01} = -0,50; \lambda_{02} = -0,10; \lambda_{03} = -0,35; \lambda_{04} = -0,52; \lambda_{05} = -0,70; \lambda_{06} = -0,57$ dan $\lambda_{07} = -0,50$. Berdasarkan nilai eigen tersebut, maka jenis kesetimbangan adalah **stabil asimtotik** pada Titik Kritis 1 = (2; 0; 0; 0; 0; 0; 0) dan akan menghasilkan simulasi sebagai berikut :



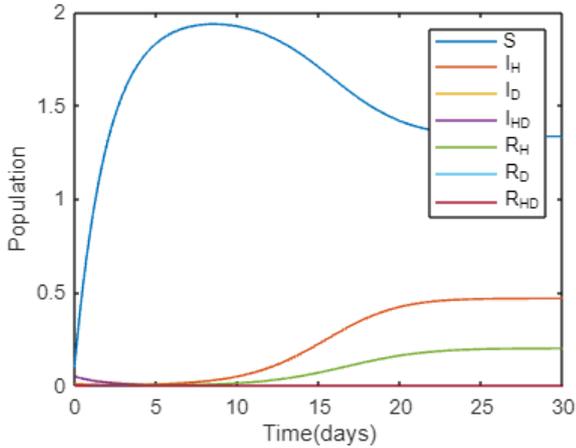
Gambar 3. Grafik Simulasi Model Bebas Penyakit pada saat $t \leq 30$

Berdasarkan gambar 4.2 di atas menunjukkan bahwa pada hari ke-3 dan seterusnya, populasi manusia yang terinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* semakin menurun ke angka nol sehingga tidak lagi ditemukan kedua penyakit tersebut pada populasi manusia. Hasil ini menunjukkan bahwa eksistensi titik kesetimbangan bebas penyakit yang stabil. Semua populasi akan menuju titik nol kecuali populasi manusia rentan. Selanjutnya dilakukan modifikasi nilai $\beta_1 = 0,6$ dan $\beta_4 = 0,6$ pada tabel 4.1 dan diperoleh $R_{01} = 1,500$ dan $R_{02} = 0,365$ serta pada analisis kestabilan diperoleh nilai eigen yaitu $\lambda_{11} = -0,66; \lambda_{12} = -0,50; \lambda_{13} = -0,52; \lambda_{14} = -0,57$ dan $\lambda_{15} = -0,50$ untuk nilai eigen λ_{16} dan λ_{17} harus memenuhi syarat berikut :

- $\frac{-(\mu+\varepsilon_1)(\Lambda\beta_1+\mu\varepsilon_1)}{\mu(\delta_1+\varepsilon_1+\mu)} < 0 \Rightarrow \frac{-(0,5+0,2)(1(0,6)+0,5(0,2))}{0,5(0,3+0,2+0,5)} = -0,98 < 0$
- $\frac{\Lambda\beta_1}{\delta_1\mu+\mu} < 1 \Rightarrow \frac{1(0,6)}{0,3(0,5)+0,5} = 0,92 < 1$

Sehingga syarat agar λ_{16} dan λ_{17} bernilai negatif terpenuhi. Berdasarkan nilai eigen tersebut, maka jenis kesetimbangan adalah **stabil asimtotik** pada

Titik Kritis 2 = (1,30; 0,46; 0; 0; 0,2; 0; 0) dan akan menghasilkan simulasi sebagai berikut :

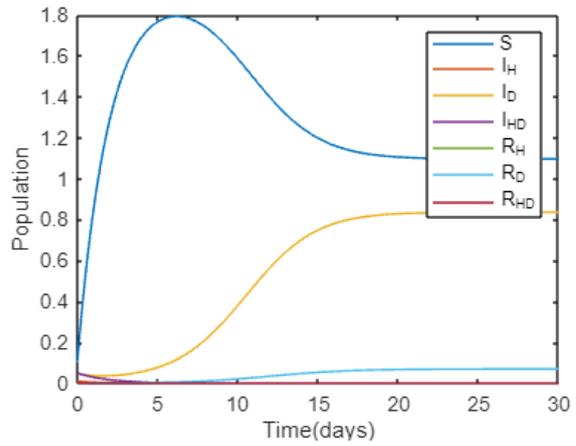


Gambar 4. Grafik Simulasi Model Penyakit Hepatitis B pada saat $t \leq 30$

Berdasarkan gambar 4.3 di atas menunjukkan bahwa pada hari ke-12 dan seterusnya, populasi manusia yang terinfeksi penyakit Hepatitis B akan tetap ditemukan di dalam populasi sedangkan populasi manusia yang terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue* semakin menurun ke angka nol sehingga tidak lagi ditemukan penyakit Demam Berdarah *Dengue* pada populasi manusia. Hasil ini menunjukkan bahwa eksistensi titik kesetimbangan endemik penyakit Hepatitis B yang stabil. Semua populasi akan menuju titik nol kecuali populasi manusia rentan, populasi manusia terinfeksi penyakit Hepatitis B dan populasi manusia sembuh dari penyakit Hepatitis B. Selanjutnya dilakukan modifikasi nilai $\beta_2 = 0,5$ dan $\beta_3 = 0,5$ pada tabel 4.1 dan diperoleh $R_{01} = 0,875$ dan $R_{02} = 1,826$ serta pada analisis kestabilan diperoleh nilai eigen yaitu $\lambda_{21} = -0,52$; $\lambda_{22} = -0,50$; $\lambda_{23} = -0,52$; $\lambda_{24} = -0,70$ dan $\lambda_{25} = -0,50$ untuk nilai eigen λ_{16} dan λ_{07} harus memenuhi syarat berikut :

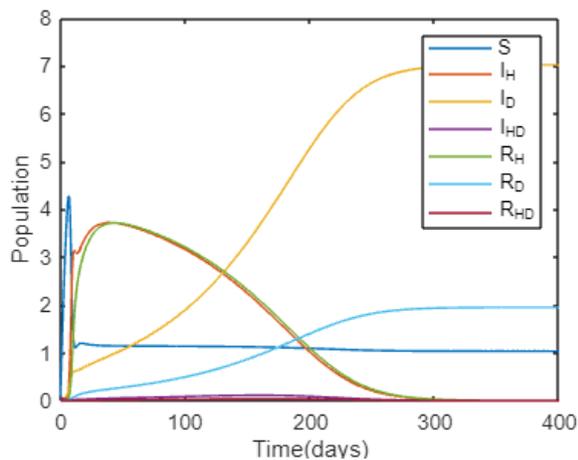
- $$\frac{-(\mu + \varepsilon_2)(\Delta\beta_2 + \mu\varepsilon_2)}{\mu(\delta_2 + \varepsilon_2 + \mu)} < 0 \Rightarrow \frac{-(0,5 + \frac{1}{14})(1(0,5) + 0,5(\frac{1}{14}))}{0,5(\frac{1}{21} + \frac{1}{14} + 0,5)} = -0,98 < 0$$
- $$\frac{\Delta\beta_2}{\delta_2\mu + \mu} < 1 \Rightarrow \frac{1(0,5)}{(\frac{1}{21})0,5 + 0,5} = 0,95 < 1$$

Sehingga syarat agar λ_{26} dan λ_{27} bernilai negatif terpenuhi. Berdasarkan nilai eigen tersebut, maka jenis kesetimbangan adalah **stabil asimtotik** pada Titik Kritis 3 = (1,09; 0; 0,83; 0; 0; 0,06; 0) dan akan menghasilkan simulasi sebagai berikut :



Gambar 5. Grafik Simulasi Model Penyakit Demam Berdarah Dengue pada saat $t \leq 30$

Berdasarkan gambar 4.4 di atas menunjukkan bahwa pada hari ke-11 dan seterusnya, populasi manusia yang terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue* akan tetap ditemukan di dalam populasi sedangkan populasi manusia yang terinfeksi penyakit Hepatitis B semakin menurun ke angka nol sehingga tidak lagi ditemukan penyakit Hepatitis B pada populasi manusia. Hasil ini menunjukkan bahwa eksistensi titik kesetimbangan endemik penyakit Demam Berdarah *Dengue* yang stabil. Semua populasi akan menuju titik nol kecuali populasi manusia rentan, populasi manusia terinfeksi penyakit Demam Berdarah *Dengue* dan populasi manusia sembuh dari penyakit Demam Berdarah *Dengue*. Selanjutnya dilakukan modifikasi nilai $\beta_2 = \frac{1}{7}$, $\beta_3 = 0,001$; $\beta_4 = 0,001$; $\delta_3 = \frac{1}{30}$ dan $\mu = 0,1$ pada tabel 4.1 dan diperoleh $R_{01} = 8,750$ dan $R_{02} = 9,677$ serta pada analisis kestabilan diperoleh nilai eigen yaitu $\lambda_{01} = -0,93$; $\lambda_{02} = -0,23$; $\lambda_{03} = -0,30$; $\lambda_{04} = -0,04$; $\lambda_{05} = -0,10$; $\lambda_{06} = -0,102$ dan $\lambda_{07} = -0,007$. Berdasarkan nilai eigen tersebut, maka jenis kesetimbangan adalah **stabil asimtotik** pada Titik Kritis 4 = (1,03; 0,002; 7; 0,0002; 0,002; 1,94; 0,000007) dan akan menghasilkan simulasi sebagai berikut :



Gambar 6. Grafik Simulasi Model Koinfeksi Penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah Dengue pada saat $t \leq 400$

Berdasarkan gambar 4.5 di atas menunjukkan bahwa pada hari ke-10 dan seterusnya, populasi manusia yang terinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* akan tetap ditemukan di dalam populasi manusia. Hasil ini menunjukkan bahwa eksistensi titik kesetimbangan endemik ko-infeksi Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* yang stabil. Semua populasi tidak akan menuju titik nol, yang menegaskan bahwa penyakit ini dapat terus bertahan dalam populasi manusia.

PENUTUP

SIMPULAN

Penelitian ini membahas mengenai model koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* yang menghasilkan model berdasarkan karakteristik dari kedua penyakit. Terdapat empat titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit, titik kesetimbangan endemik Hepatitis B, titik kesetimbangan endemik Demam Berdarah *Dengue*, serta titik kesetimbangan endemik koinfeksi. Bilangan reproduksi dasar ditentukan menggunakan *Next Generation Matrix*, untuk kasus titik kesetimbangan bebas penyakit menghasilkan dua bilangan reproduksi dasar, yaitu bilangan reproduksi dasar Hepatitis B yaitu $R_{01} = \frac{\Lambda\beta_1}{\mu(\delta_1 + \mu)}$ dan bilangan reproduksi dasar Demam Berdarah *Dengue* yaitu $R_{02} = \frac{\Lambda\beta_2}{\mu(\delta_2 + \mu)}$. Ketika $R_{01} < 1$ dan $R_{02} < 1$, titik kesetimbangan bebas penyakit akan stabil, yang berarti kedua penyakit akan hilang dari populasi dalam jangka waktu tertentu. Jika $R_{01} > 1$ dan $R_{02} < 1$, menunjukkan bahwa penyakit Hepatitis B

akan tetap ada dalam populasi. Sebaliknya, jika $R_{01} < 1$ dan $R_{02} > 1$, penyakit Demam Berdarah *Dengue* akan tetap ada dalam populasi. Jika $R_{01} > 1$ dan $R_{02} > 1$, keduanya akan tetap ada dalam populasi. Hasil dari simulasi numerik yang dilakukan menggunakan MATLAB juga mendukung hasil analisis tersebut.

SARAN

Apabila penelitian ini dilanjutkan dengan membahas model matematika penyebaran koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* dapat ditambahkan variabel masa inkubasi (*Exposed*). Hal ini bertujuan untuk menggambarkan populasi yang telah terpapar penyakit tetapi belum menunjukkan gejala dan belum menular, sehingga memungkinkan pemodelan yang lebih realistis tentang bagaimana koinfeksi penyakit Hepatitis B dan Demam Berdarah *Dengue* menyebar dalam populasi.

DAFTAR PUSTAKA

- Anaedobe CG, Fowotade A, Omoruyi CE, dkk. (2015). *Prevalensi, fitur sosio demografis dan factor risiko infeksi virus Hepatitis B di antara wanita hamil di Nigeria Barat Daya*. Jurnal Medis Pan Afrika, 20: 406, 3-6, 9.
- Arsyad, S. H., Resmawan, & Achmad, N. (2020). Analisis model predator-prey leslie-gower dengan pemberian racun pada predator. JRAM, 1-16.
- Bounekkar A. (2014). *Modélisation et analyse des données pour l'aide à la décision*. Habilitation à diriger les recherches. Université Lyon 1, Dec. 2014.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A., & Roberts, M. G. (2010). The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Interface*, 873- 885.
- Driessche, P. v., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *elsevier*, 29-48.
- Candra, A. (2010). *Demam berdarah Dengue: Epidemiologi, patogenesis, dan faktor risiko penularan*. ASPIRATOR-Journal of Vector-borne Disease Studies, 2(2).
- Chin, J. (2010). *Manual Pemberantasan Penyakit Menular*. Penerjemah Kandun Nyoman edisi 17, Infomedika, Jakarta.
- Giesecke, J. (2017). *Modern Infectious Disease Epidemiology* (3rd ed.). Florida: CRC Press.
- Hastuti, A. D. (2019). FAKTOR RESIKO HEPATITIS

- DI WILAYAH KERJA PUSKESMAS BATU HORPAK KABUPATEN TAPANULI SELATAN.
- Hidayat, A., dkk. (2021). ANALISIS DETERMINAN KESEHATAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DENGUE. FAKULTAS ILMU – ILMU KESEHATAN MASAYRAKAT UNIVERSITAS MUHAMMADIYAH PROF. DR. HAMKA JAKARTA.
- Indriyani, Diana. (2021). *Kestabilan Titik Ekuilibrium Model SEIR Terhadap Virus Komputer*. Skripsi. Program Studi Matematika. Fakultas Sains dan Teknologi. Universitas Islam Negeri Sultan Syarif Kasim Riau. Pekanbaru.
- Jannah, M. (2020). Model Matematika Seirs-Sei Pada Penyebaran Penyakit Demam Berdarah Dengue Dengan Pengaruh Suhu. *MAP (Mathematics and Applications) Journal*, 2(2), 66-78.
- Kementerian Kesehatan RI. (2011). *Profil data kesehatan Indonesia tahun 2011*. Online: www.depkes.go.id/downloads/PROFIL_DA_TA_KESEHATAN_INDONESIA_TAHUN_2011.pdf
- Kementerian Kesehatan RI. (2015). *Profil data kesehatan Indonesia tahun 2015*. Jakarta : Depkes RI.
- Kementerian Kesehatan RI. (2018). Pusat Data dan Informasi. Jakarta Selatan.
- Kurane I. (2007). *Dengue Hemorrhagic Fever with Special Emphasis on Immunopathogenesis. Comparative Immunology, Microbiology & Infectious Disease*. Vol 30:329-40.
- Larasati, Y., & Wahono, C. S. (2021) The Challenges of Diagnosis and Management of Suspected Autoimmune Hepatitis in a 34-Year-Old Woman with Periodic Paralysis and Graves' Disease. *Jurnal Penyakit Dalam Indonesia*, 8(4), 7.
- Martcheva M. (2015). *An introduction to mathematical epidemiology*. Vol. 61. Springer.
- Matthews, K. (2012). *Elementary Linear Algebra*. Australia: University of Queensland.
- Mutmainnah. (2022). *Analisis Kestabilan Model Matematika Penyebaran Penyakit Tuberkulosis Yang Koinfeksi Diabetes Melitus Dengan Pengobatan = Stability Analysis of Mathematical Model of Tuberculosis Disease Spread Co-Infected Diabetes Mellitus with Treatment*. Thesis thesis, Universitas Hasanuddin.
- Najmah. (2016). *Epidemiologi Penyakit menular*. Cetakan Pe. Edited by Taufik Ismail. Jakarta : Trans Info Media.
- Rizal, M., & Artiono, R. (2021). Analisis Dinamik Model Koinfeksi Penyakit Difteri dan Covid-19. *MATHunesa : Jurnal Ilmiah Matematika*, 9(2), 268-279.
- Rizky, N. M. (2015). *ANALISIS MODEL MATEMATIKA MSEIR UNTUK PENYEBARAN PENYAKIT TUBERKULOSIS*. S1 thesis, UNY.
- Safitri, S.N., & Artiono, R. (2021). ANALISIS DINAMIK MODEL KO-INFEKSI PENYAKIT CAMPAK DAN COVID-19 DENGAN MEMPERHATIKAN PEMBERIAN VAKSIN. *MATHunesa : Jurnal Ilmiah Matematika*, 9(2), 280-292.
- Sari, W. and M Kes Oei Gin Djing, A., (2011). Care yourself, hepatitis. Penebar PLUS+.
- Satari, H., & Mila, M. (2004). *Demam Berdarah*. Niaga Swadaya.
- Schmidt, Carina. (2019). *Prediction of the Influenza Virus Propagation by using different Epidemiological and Machine Learning Models*. Bachelor Thesis. Heilbornn University of Applied Sciences.
- Shen, W. Y., Chu, Y. M., ur Rahman, M., Mahariq, I., & Zeb, A. (2021). *Mathematical analysis of HBV and HCV co-infection model under nonsingular fractional order derivative*. *Results in Physics*, 28, 104582.
- Side, S., Abdy, M., & Sanusi, W. (2020). Analysis and Simulation of SEIRS model for Hepatitis B. In *MSCEIS 2019: Proceedings of the 7th Mathematics, Science, and Computer Science Education International Seminar, MSCEIS 2019, 12 October 2019, Bandung, West Java, Indonesia* (p. 331). European Alliance for Innovation.
- Siswanto & Octavianur, Evi. (2020). *Epidemiologi Penyakit Hepatitis*. Mulawarman University Press. Samarinda.
- World Health Organization. (2012). *Epidemic Dengue/Dengue hemorrhagic fever as a public health, social and economic problem in the 21st century*. Trends in Microbiology.
- World Health Organization, (2018). *Manual for the development and assessment of national viral hepatitis plans: a provisional document*. WHO. Geneva.
- World Health Organization, (2023). Hepatitis B. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-b>.