

ANALISIS KESTABILAN DAN SIMULASI NUMERIK DINAMIKA POPULASI SIAT PADA KASUS ENDEMIK DAN NON-ENDEMIK HIV/AIDS

Ramadhan Nurkholis Fatoni

Program Studi Matematika, Fakultas Sains Dan Teknologi, UIN Sunan Kalijaga, Yogyakarta, Indonesia
e-mail: 24106010087@uin-suka.ac.id

Mohamad Luthfi

Program Studi Matematika, Fakultas Sains Dan teknologi, UIN Sunan Kalijaga, Yogyakarta, Indonesia
e-mail: 24106010102@uin-suka.ac.id

Sugiyanto

Program Studi Matematika, Fakultas Sains Dan Teknologi, UIN Sunan Kalijaga, Yogyakarta, Indonesia
e-mail: sugiyanto@uin-suka.ac.id

Abstrak

Kasus HIV/AIDS di Indonesia terus mengalami peningkatan yang signifikan setiap tahunnya dan menjadi salah satu permasalahan kesehatan yang memerlukan perhatian serius karena berdampak pada aspek kesehatan, sosial, ekonomi, serta kualitas hidup masyarakat. Oleh karena itu, diperlukan suatu pendekatan ilmiah untuk memahami dinamika penyebaran penyakit dan menentukan strategi pengendalian yang efektif. Penelitian ini bertujuan untuk membangun, menganalisis, dan menginterpretasikan model matematika penyebaran HIV/AIDS melalui pembentukan model SIAT. Model ini dikembangkan dari model dasar SIA dengan menambahkan kompartemen *Treatment* (T) serta membagi kelas *Infected* menjadi dua subkelas, yaitu HIV tahap awal (I_1) dan HIV tahap lanjut atau *pre-AIDS* (I_2), sehingga proses perkembangan penyakit dapat direpresentasikan secara lebih realistis. Metode penelitian yang digunakan adalah studi literatur dan pemodelan matematika sistem dinamik deterministik yang dinyatakan dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinier. Analisis model dilakukan melalui penentuan titik kesetimbangan, perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0), analisis kestabilan menggunakan matriks Jacobian, serta simulasi numerik menggunakan perangkat lunak Maple. Berdasarkan hasil analisis, diperoleh dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) dan titik kesetimbangan endemik (E_1). Hasil analisis menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik lokal apabila $R_0 < 1$, sedangkan titik kesetimbangan endemik eksis dan stabil asimtotik lokal apabila $R_0 > 1$. Simulasi numerik menunjukkan bahwa peningkatan laju *treatment* pada tahap awal infeksi HIV mampu menurunkan nilai R_0 dan jumlah individu terinfeksi secara signifikan. Temuan ini menegaskan bahwa perluasan akses terapi antiretroviral sejak tahap awal infeksi merupakan strategi yang efektif dalam mengendalikan epidemi HIV/AIDS.

Kata Kunci: HIV/AIDS, model matematika, SIAT, treatment, analisis kestabilan, bilangan reproduksi dasar

Abstract

HIV/AIDS cases in Indonesia continue to increase significantly each year and have become one of the major public health problems that require serious attention because they affect health, social, economic, and quality of life aspects of society. Therefore, a scientific approach is needed to understand the dynamics of disease transmission and to determine effective control strategies. This study aims to construct, analyze, and interpret a mathematical model of HIV/AIDS transmission through the development of the SIAT model. The model was developed from the basic SIA model by adding a Treatment (T) compartment and dividing the Infected class into two subclasses, namely early-stage HIV infection (I_1) and advanced-stage HIV or pre-AIDS infection (I_2), so that the disease progression process can be represented more realistically. The research method used in this study was literature review and deterministic dynamical system mathematical modeling represented in the form of nonlinear differential equations. The model analysis included determining equilibrium points, calculating the basic reproduction number (R_0), conducting stability analysis using the Jacobian matrix, and performing numerical simulations using Maple software. Based on the analysis, two equilibrium points were obtained, namely the disease-free equilibrium point (E_0) and the endemic equilibrium point (E_1). The analysis showed that the disease-free equilibrium point is locally asymptotically stable when $R_0 < 1$, while the endemic equilibrium point exists and is locally asymptotically stable when $R_0 > 1$. Numerical simulations demonstrated that increasing the treatment rate during the early stage of HIV infection significantly reduces the value of R_0 and the number of infected individuals. These findings confirm that expanding access to antiretroviral therapy at the early stage of infection is an effective strategy for controlling the HIV/AIDS epidemic.

Keywords: HIV/AIDS, Mathematical Model, SIAT, Treatment, Stability Analysis, Basic Reproduction Number

PENDAHULUAN

HIV (*Human Immunodeficiency Virus*) merupakan virus yang menyerang sistem kekebalan tubuh manusia, terutama sel limfosit T-helper (CD4) yang berperan penting dalam melindungi tubuh dari infeksi. Virus ini termasuk ke dalam famili Retroviridae, subfamili Lentiviridae, dan genus Lentivirus. HIV bekerja dengan cara melemahkan kemampuan tubuh dalam melawan berbagai penyakit, sehingga penderita menjadi lebih rentan terhadap infeksi maupun gangguan kesehatan lainnya. Apabila infeksi HIV tidak ditangani dengan baik, maka kondisi tersebut dapat berkembang menjadi AIDS (*Acquired Immune Deficiency Syndrome*), yaitu tahap lanjut dari infeksi HIV yang ditandai dengan menurunnya sistem kekebalan tubuh secara signifikan serta munculnya berbagai penyakit oportunistik.

Penyebaran HIV/AIDS hingga saat ini masih menjadi salah satu permasalahan kesehatan global, termasuk di Indonesia. Berdasarkan laporan Kementerian Kesehatan Republik Indonesia tahun 2013, jumlah kasus HIV di Indonesia mengalami peningkatan yang sangat signifikan, yaitu dari 859 kasus pada tahun 2000 menjadi 29.037 kasus pada tahun 2013. Data tersebut menunjukkan bahwa laju penyebaran HIV terus meningkat dari tahun ke tahun dan memerlukan perhatian serius dari berbagai pihak. Tingginya angka kasus HIV/AIDS tidak hanya berdampak pada kesehatan masyarakat, tetapi juga memengaruhi aspek sosial, ekonomi, serta kualitas hidup penderita. Oleh karena itu, diperlukan berbagai upaya untuk memahami pola penyebaran penyakit ini agar dapat dilakukan pengendalian yang lebih efektif.

Salah satu pendekatan yang dapat digunakan untuk mempelajari dinamika penyebaran HIV/AIDS adalah melalui pemodelan matematika. Pemodelan matematika mampu menggambarkan proses penyebaran penyakit dalam suatu populasi secara sistematis sehingga dapat digunakan untuk memprediksi perkembangan penyakit, menganalisis faktor-faktor yang memengaruhi penyebaran, serta mengevaluasi efektivitas suatu pengobatan atau kebijakan kesehatan. Dalam bidang epidemiologi, model matematika menjadi alat yang penting karena dapat membantu peneliti maupun pemerintah dalam mengambil keputusan terkait strategi pencegahan dan penanganan penyakit menular.

Model epidemik yang paling dasar dan banyak digunakan adalah model SIR yang dikembangkan

oleh William Ogilvy Kermack dan Anderson Gray McKendrick pada tahun 1927. Model tersebut membagi populasi ke dalam beberapa kelompok berdasarkan status penyakit, yaitu kelompok rentan (*Susceptible*), terinfeksi (*Infected*), dan sembuh (*Recovered*). Seiring berkembangnya penelitian, model SIR kemudian dimodifikasi menjadi berbagai bentuk model lain agar lebih sesuai dengan karakteristik penyakit yang dikaji, termasuk HIV/AIDS yang memiliki tahapan infeksi dan proses pengobatan yang cukup kompleks.

Pada penelitian ini, model SIAT dikembangkan untuk menggambarkan dinamika penyebaran HIV/AIDS dengan memasukkan kelas *Treatment* (T) sebagai representasi individu yang mendapatkan pengobatan atau terapi. Selain itu, kelompok individu terinfeksi dibagi menjadi dua subkelas, yaitu HIV tahap awal (*Infected* tahap awal atau I_1) dan HIV tahap lanjut/pre-AIDS (I_2). Pembagian ini dilakukan karena perkembangan HIV terjadi secara bertahap dan setiap tahap memiliki karakteristik penyebaran serta kondisi kesehatan yang berbeda. Adanya kelas *Treatment* juga penting untuk melihat pengaruh pengobatan terhadap penurunan jumlah individu terinfeksi dan perkembangan penyakit.

Melalui model ini, diharapkan dapat diperoleh gambaran yang lebih realistis mengenai proses penyebaran HIV/AIDS di dalam populasi. Analisis model dilakukan dengan menentukan titik kesetimbangan, menganalisis kestabilan sistem, serta melakukan simulasi numerik untuk melihat perilaku model dalam jangka waktu tertentu. Hasil simulasi tersebut diharapkan dapat memberikan informasi mengenai perkembangan jumlah individu rentan, terinfeksi, maupun yang menjalani treatment dari waktu ke waktu.

METODE PENELITIAN

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi literatur dan pemodelan matematika dengan pendekatan sistem dinamik deterministik. Studi literatur dilakukan dengan mempelajari berbagai sumber yang berkaitan dengan HIV/AIDS, model epidemiologi, sistem persamaan diferensial, serta penelitian terdahulu yang relevan. Sumber-sumber tersebut diperoleh dari buku, jurnal ilmiah, artikel penelitian, dan referensi akademik lainnya yang mendukung proses penyusunan model. Melalui studi literatur ini, peneliti memperoleh pemahaman mengenai karakteristik penyebaran HIV/AIDS serta konsep-konsep matematika yang digunakan dalam analisis model.

Selain studi literatur, penelitian ini juga menggunakan pendekatan pemodelan matematika untuk menggambarkan proses penyebaran HIV/AIDS secara lebih sistematis dan terstruktur. Dengan model matematika, perubahan jumlah individu yang sehat, terinfeksi, maupun yang menjalani pengobatan dapat diamati dari waktu ke waktu. Pendekatan sistem dinamik deterministik digunakan karena perubahan populasi pada setiap kelompok diasumsikan mengikuti aturan tertentu yang dinyatakan dalam bentuk persamaan diferensial.

Secara umum, penelitian ini dilakukan melalui beberapa tahapan utama, yaitu:

1. Membangun model matematika berdasarkan asumsi-asumsi yang sesuai dengan penyebaran HIV/AIDS.
2. Menentukan titik kesetimbangan model untuk mengetahui kondisi sistem yang stabil.
3. Menentukan bilangan reproduksi dasar R_0 untuk melihat kemampuan penyakit dalam menyebar di dalam populasi.
4. Menganalisis kestabilan titik kesetimbangan untuk mengetahui perilaku sistem ketika terjadi gangguan kecil.
5. Melakukan simulasi numerik menggunakan software matlab untuk melihat dinamika penyebaran HIV/AIDS pada setiap kompartemen.

Bilangan reproduksi dasar R_0 merupakan parameter penting dalam epidemiologi. Jika nilai $R_0 < 1$, maka penyebaran penyakit cenderung menurun dan akhirnya menghilang dari populasi. Sebaliknya, jika nilai $R_0 > 1$, maka penyakit memiliki kemungkinan untuk terus menyebar dan menjadi endemik. Analisis kestabilan dilakukan untuk mengetahui apakah sistem akan kembali menuju keadaan seimbang atau justru mengalami peningkatan penyebaran penyakit.

Tahap terakhir adalah simulasi numerik yang dilakukan menggunakan software matlab. Simulasi ini digunakan untuk melihat perilaku model melalui grafik dan hasil perhitungan numerik. Dari simulasi tersebut dapat diamati perubahan jumlah individu pada masing-masing kelompok terhadap waktu sehingga dinamika penyebaran HIV/AIDS serta pengaruh treatment dalam model dapat dipahami dengan lebih jelas.

Pada program tersebut kompartemen yang digunakan dalam model dibagi menjadi beberapa bagian seperti berikut:

Rentan (Susceptible - S): Individu yang belum terinfeksi HIV dan rentan tertular jika melakukan kontak dengan individu terinfeksi.

HIV Tahap Awal (Infected₁ - I₁): Individu yang terinfeksi HIV pada stadium seroconversion dan asymptomatic (belum menunjukkan gejala klinis).

HIV Tahap Lanjut / Pre-AIDS (Infected₂ - I₂): Individu yang terinfeksi HIV dan telah memasuki stadium pre-AIDS.

AIDS (A): Individu yang telah didiagnosis AIDS dengan sistem kekebalan tubuh yang sangat lemah.

Treatment (T): Individu dari ketiga kelas terinfeksi yang sedang menjalani terapi antiretroviral.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Dinamika transmisi HIV/AIDS diformulasikan ke dalam sistem persamaan diferensial berikut (model SIAT):

$$dS/dt = \Lambda - \beta SI_1 - \mu S \quad \dots(1)$$

$$dI_1/dt = \beta SI_1 - \gamma_1 I_1 - \psi_1 I_1 - \mu I_1 \quad \dots(2)$$

$$dI_2/dt = \gamma_1 I_1 - \gamma_2 I_2 - \psi_2 I_2 - \mu I_2 \quad \dots(3)$$

$$dA/dt = \gamma_2 I_2 - \psi_3 A - (\mu + \delta_1) A \quad \dots(4)$$

$$dT/dt = \psi_1 I_1 + \psi_2 I_2 + \psi_3 A - (\mu + \delta_2) T \quad \dots(5)$$

dengan keterangan kompartemen dan parameter berada pada Tabel 1.

Tabel 1. Keterangan kompartemen dan parameter

Simbol	Jenis	Keterangan
$S(t)$	kompartemen	Banyaknya individu rentan pada waktu t.
$I_1(t)$	kompartemen	Banyaknya individu terinfeksi HIV tahap awal pada waktu t.
$I_2(t)$	kompartemen	Banyaknya individu terinfeksi HIV tahap lanjut (pre-AIDS) pada waktu t.
$A(t)$	kompartemen	Banyaknya individu terinfeksi AIDS pada waktu t.
$T(t)$	kompartemen	Banyaknya individu yang menjalani treatment pada waktu t.
Λ	parameter	Laju individu yang masuk kelas rentan. Nilai: 0,55.
β	parameter	Laju keefektifan kontak. Nilai: 0,03.
γ_1, γ_2	parameter	Laju progres penyakit. Nilai: $0 \leq \gamma_1 \leq 1$; $\gamma_2 = 0,4$.
ψ_1	parameter	Laju treatment HIV tahap awal. Nilai: $0 \leq \psi_1 \leq 1$.
ψ_2	parameter	Laju treatment pre-AIDS. Nilai: 0,3.
ψ_3	parameter	Laju treatment individu AIDS. Nilai: 0,4.
δ_1	parameter	Angka kematian karena AIDS. Nilai: 0,47.
δ_2	parameter	Angka kematian pada individu dalam treatment. Nilai: 0,04.

Simbol	Jenis	Keterangan
μ	parameter	Angka kematian bukan karena HIV/AIDS. Nilai: 0,025.

Teorema 1.1 Himpunan $\Omega = \{S, I_1, I_2, A, T \in \mathbb{R}_+ : S + I_1 + I_2 + A + T = N\}$ adalah himpunan invarian positif untuk Sistem Persamaan (1)–(5).

Bukti: Untuk membuktikan bahwa Ω adalah himpunan invarian positif, kita buktikan dua kondisi: (1) ketaknegatifan solusi, dan (2) kekekalan total populasi.

Langkah 1: Ketaknegatifan Solusi. Pada batas $S = 0$: $dS/dt = \Lambda \geq 0$, sehingga $S(t) \geq 0$. Pada batas $I_1 = 0$: $dI_1/dt = 0$ (tangensial), sehingga $I_1(t) \geq 0$. Dengan cara serupa, $I_2(t) \geq 0$, $A(t) \geq 0$, dan $T(t) \geq 0$ terbukti.

Langkah 2: Kekekalan Total Populasi. Misalkan $N(t) = S(t) + I_1(t) + I_2(t) + A(t) + T(t)$. Menjumlahkan Persamaan (1)–(5): $dN/dt = \Lambda - \mu N - \delta_1 A - \delta_2 T$. Pada asumsi populasi konstan, diperoleh $dN/dt = 0$, sehingga $N(t) = N = \text{konstan}$. ■

TITIK KESETIMBANGAN

Dengan membuat ruas kanan sistem (1)–(5) sama dengan nol, diperoleh dua titik kesetimbangan:

(1) Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit (E_0): $E_0 = (\Lambda/\mu, 0, 0, 0, 0)$

(2) Titik Kesetimbangan Endemik (E_1): $S^* = (\gamma_1 + \psi_1 + \mu) / \beta$; $I_1^* = (\Lambda - \mu S^*) / (\beta S^* + \mu)$; $I_2^* = \gamma_1 I_1^* / (\gamma_2 + \psi_2 + \mu)$; $A^* = \gamma_2 I_2^* / (\psi_3 + \mu + \delta_1)$; $T^* = (\psi_1 I_1^* + \psi_2 I_2^* + \psi_3 A^*) / (\mu + \delta_2)$

BILANGAN REPRODUKSI DASAR (R_0)

Bilangan reproduksi dasar ditentukan dari kondisi yang menjamin $I_1^* > 0$:

$$P_0 = \beta \Lambda / [\mu(\gamma_1 + \psi_1 + \mu)]$$

Teorema 1.2 Dipunyai $R_0 = \beta \Lambda / [\mu(\gamma_1 + \psi_1 + \mu)]$, berlaku: (a) Titik kesetimbangan E_0 stabil asimtotik lokal apabila $R_0 < 1$ dan tidak stabil apabila $R_0 > 1$. (b) Titik kesetimbangan endemik E_1 eksis dan stabil asimtotik lokal apabila $R_0 > 1$. Kestabilan dibuktikan menggunakan nilai eigen matriks Jacobian. Pada E_0 , nilai eigen kritis adalah $\lambda = \beta \Lambda / \mu - (\gamma_1 + \psi_1 + \mu)$, yang bernilai negatif tepat ketika $R_0 < 1$. Pada E_1 , kriteria Routh-Hurwitz mengonfirmasi kestabilan asimtotik lokal ketika $R_0 > 1$.

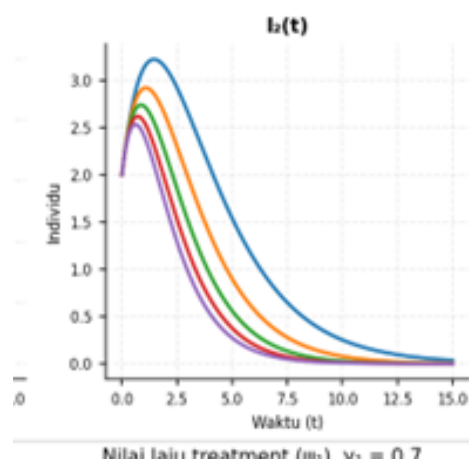
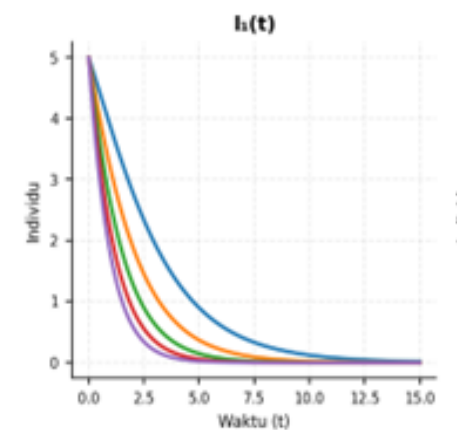
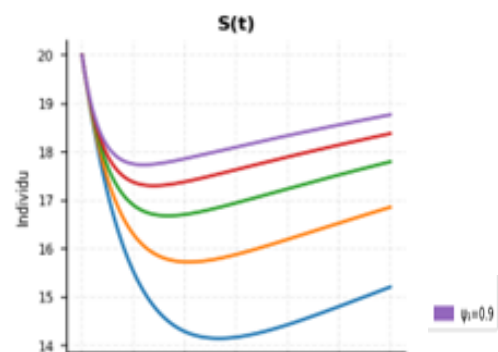
SIMULASI

Simulasi numerik dilakukan menggunakan software Maple dengan kondisi awal $S(0) = 20$, $I_1(0) =$

5, $I_2(0) = 2$, $A(0) = 1$, $T(0) = 0$. Analisis dilakukan untuk kasus non-endemik ($R_0 < 1$) dan kasus endemik ($R_0 > 1$) dengan memvariasikan laju treatment ψ_1 dan laju progres penyakit γ_1 .

KASUS NON-ENDEMIK ($R_0 < 1$, $\gamma_1 = 0,7$)

Dengan $\gamma_1 = 0,7$ dan variasi ψ_1 dari 0,1 hingga 0,9, nilai R_0 berkisar antara 0,41 hingga 0,80. Seluruh kompartemen bergerak menuju titik kesetimbangan bebas penyakit E_0 . Semakin besar ψ_1 , semakin cepat seluruh populasi terinfeksi menuju nol.



Nilai laju treatment (ψ_1) = 0,7

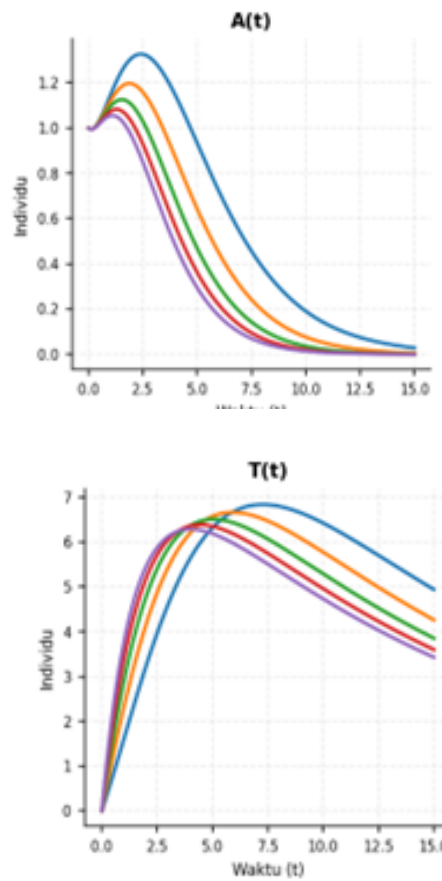


Figure 1. Gambar 1. Dinamika populasi SIAT pada kasus non-endemik ($R_0 < 1$, $\gamma_1 = 0,7$) dengan variasi ψ_1

KASUS ENDEMIK ($R_0 > 1$, $\Gamma_1 = 0,1$)

Dengan $\gamma_1 = 0,1$ dan ψ_1 yang kecil (0,001), nilai R_0 mencapai 5,24. Seluruh kompartemen beresilasi sebelum stabil di titik kesetimbangan endemik E_1 . Peningkatan ψ_1 dari 0,001 ke 0,5 menurunkan R_0 dari 5,24 menjadi 1,06, mendekati batas bebas penyakit.

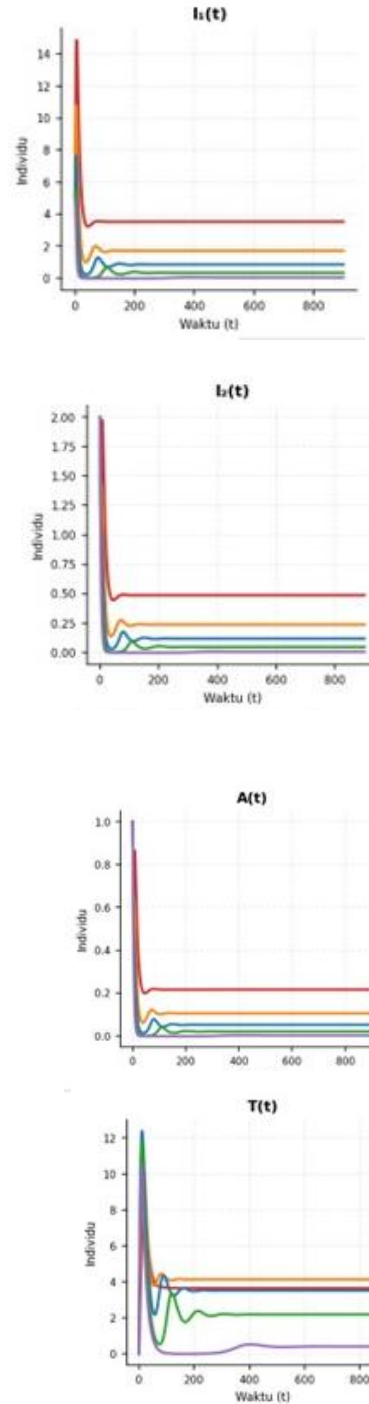
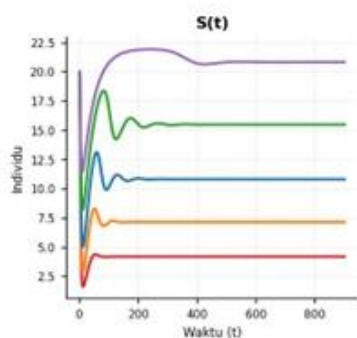


Figure 2. Gambar 2. Dinamika populasi SIAT pada kasus endemik ($R_0 > 1$, $\gamma_1 = 0,1$) dengan variasi ψ_1

Gambar 3 merangkum pengaruh ψ_1 terhadap nilai R_0 untuk ketiga nilai γ_1 . Garis putus-putus pada $R_0 = 1$ merupakan batas endemisitas. Semakin besar ψ_1 , semakin kecil R_0 pada semua nilai γ_1 . Hal ini menegaskan bahwa peningkatan cakupan treatment

pada tahap awal HIV merupakan intervensi paling efektif.

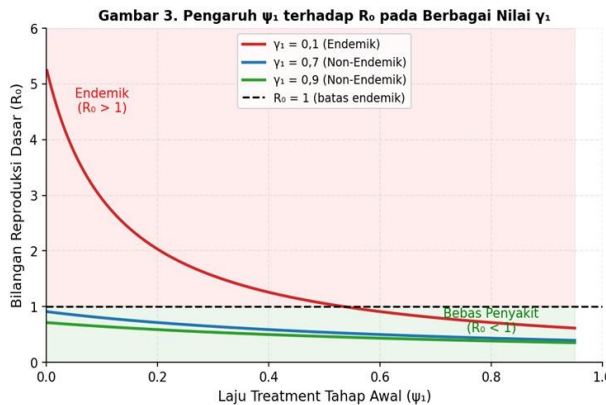


Figure 3. Gambar 3. Pengaruh laju treatment (ψ_1) terhadap bilangan reproduksi dasar R_0 pada berbagai nilai γ_1

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis yang telah dilakukan, model matematika SIAT yang dikembangkan dalam penelitian ini mampu memberikan gambaran yang lebih realistis mengenai dinamika penyebaran HIV/AIDS di dalam populasi. Model ini tidak hanya membagi populasi berdasarkan status rentan dan terinfeksi, tetapi juga mempertimbangkan tahapan perkembangan infeksi HIV serta keberadaan individu yang menjalani treatment antiretroviral. Dengan adanya pembagian kompartemen menjadi individu rentan (S), HIV tahap awal (I_1), HIV tahap lanjut atau pre-AIDS (I_2), AIDS (A), dan treatment (T), proses penyebaran penyakit dapat diamati secara lebih rinci dan sistematis.

Hasil analisis menunjukkan bahwa sistem memiliki dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) dan titik kesetimbangan endemik (E_1). Keberadaan kedua titik tersebut dipengaruhi oleh nilai bilangan reproduksi dasar (R_0) yang menjadi indikator utama dalam menentukan apakah penyakit dapat menyebar atau tidak di dalam populasi. Ketika nilai $R_0 < 1$, jumlah individu terinfeksi akan terus menurun hingga akhirnya penyakit menghilang dari populasi, sehingga sistem berada pada kondisi bebas penyakit. Sebaliknya, apabila nilai $R_0 > 1$, maka HIV/AIDS akan tetap bertahan dan berkembang menjadi penyakit endemik di dalam populasi. Hal ini menunjukkan bahwa pengendalian nilai R_0 menjadi faktor penting dalam upaya menekan penyebaran HIV/AIDS.

Melalui simulasi numerik yang dilakukan, diperoleh hasil bahwa peningkatan laju treatment pada tahap awal infeksi HIV (ψ_1) memberikan pengaruh yang sangat besar terhadap penurunan nilai R_0 dan jumlah individu terinfeksi. Pada kondisi non-endemik, peningkatan treatment menyebabkan populasi terinfeksi menurun lebih cepat hingga mendekati nol. Sementara itu, pada kondisi endemik, meskipun sistem awalnya mengalami fluktuasi atau osilasi, peningkatan treatment secara bertahap mampu menurunkan tingkat penyebaran penyakit dan mendekatkan sistem menuju kondisi yang lebih stabil. Dengan demikian, treatment antiretroviral yang diberikan sejak tahap awal infeksi terbukti menjadi salah satu strategi paling efektif dalam mengendalikan epidemi HIV/AIDS.

Selain itu, penelitian ini juga menunjukkan bahwa pemodelan matematika dapat digunakan sebagai alat bantu yang penting dalam bidang epidemiologi, khususnya untuk memahami pola penyebaran penyakit menular seperti HIV/AIDS. Model yang dibangun dapat digunakan untuk memprediksi perkembangan jumlah penderita, menganalisis pengaruh parameter tertentu terhadap penyebaran penyakit, serta membantu dalam pengambilan keputusan terkait kebijakan kesehatan masyarakat. Oleh karena itu, hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi referensi dalam pengembangan strategi pencegahan dan penanganan HIV/AIDS, terutama dalam meningkatkan akses dan efektivitas program treatment bagi penderita HIV sejak stadium awal infeksi.

DAFTAR PUSTAKA

- Bayarama, F., Mugisha, J. Y. T., & Luboobi, L. S. (2006). Mathematical Model for HIV/AIDS with Complacency in a Population with Declining Prevalence. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 7(1), 27–35.
- Haberman, R. (1977). *Mathematical Models: An Introduction to Applied Mathematics*. Texas: Prentice-Hall, Inc.
- Hia, E. M., Balatif, O., Ferjouchia, H., Labriji, E. H., & Rachik, M. (2012). Modelling the Spread of HIV/AIDS in Morocco. *International Journal of Computer Science Issues*, 9(6), 230–235.
- Huo, H. F., Chen, R., & Wang, X. Y. (2016). Modelling and Stability of HIV/AIDS Epidemic Model with Treatment. *Applied Mathematical Modelling*.
- Kementrian Kesehatan RI. (2013). *Laporan Situasi Perkembangan HIV dan AIDS di Indonesia*

Tahun 2013. Jakarta: Kemenkes RI.

Perko, L. (1991). *Differential Equations and Dynamical System*. New York: Springer-Verlag.

Waluya, S. B. (2006). *Persamaan Diferensial*. Yogyakarta: Graha Ilmu.

Zamzami, A. J., Waluya, S. B., & Kharis, M. (2018). Pemodelan Matematika dan Analisis Kestabilan Model Penyebaran HIV/AIDS dengan Treatment. *UNNES Journal of Mathematics*, 7(2), 142-154.