

SIMULASI MODEL DISCRETE TIME MARKOV CHAIN (DTMC) SIA DAN SIAT PADA PENYEBARAN PENYAKIT HIV/AIDS

***Agnes Monica Puspitaningtyas, Respatiwulan, Isnandar Slamet**
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
e-mail: agnesmonicap@student.uns.ac.id

ABSTRAK

Human Immunodeficiency Virus (HIV) adalah virus yang dapat menyerang sel darah putih manusia sehingga memberikan dampak penurunan sistem kekebalan tubuh yang membuat penderita menjadi rentan terhadap infeksi. Penurunan imun karena HIV dapat menyebabkan kumpulan gejala penyakit, yang biasa disebut dengan *Acquired Immunodeficiency Syndrome (AIDS)*. Sampai sekarang, belum ditemukan obat yang dapat menyembuhkan HIV/AIDS, tetapi ada jenis obat yang dapat digunakan untuk memperlambat perkembangan virus, yaitu *antiretroviral (ARV)*. Penulisan artikel ini bertujuan untuk memodelkan penyebaran penyakit HIV/AIDS menggunakan model *Discrete Time Markov Chain (DTMC)* SIA (*Susceptible-Infected-AIDS*) dan SIAT (*Susceptible-Infected-AIDS-Treatment*), kemudian membandingkan hasil simulasi kedua model tersebut. Parameter yang digunakan adalah laju penularan HIV (β), laju perkembangan AIDS (δ), laju pengobatan HIV (α_1), dan laju pengobatan AIDS (α_2). Data untuk perhitungan estimasi parameter bersumber dari Kementerian Kesehatan untuk kasus 2014-2023. Simulasi pada model epidemi DTMC SIA menunjukkan jumlah individu HIV mengalami penurunan, sedangkan jumlah individu AIDS mengalami peningkatan hingga puncaknya mencapai 24 individu terinfeksi AIDS ketika $t = 1000$. Sebaliknya, model epidemi DTMC SIAT dengan pemberian obat ARV menunjukkan jumlah individu HIV/AIDS mengalami penurunan, sementara jumlah individu yang menerima pengobatan meningkat.

Kata kunci: epidemi, DTMC, HIV, AIDS, pengobatan

ABSTRACT

Human Immunodeficiency Virus (HIV) is a virus that can attack human white blood cells, thus reducing the immune system, and making sufferers susceptible to infection. Decreased immunity due to HIV can cause a collection of symptoms of the disease, commonly called *Acquired Immunodeficiency Syndrome (AIDS)*. Until now, no cure has been found for HIV/AIDS, but there is type of drug that can be used to slow the development of the virus, namely *antiretroviral (ARV)*. The purpose of this article is to model the spread of HIV/AIDS using *Discrete Time Markov Chain (DTMC)* SIA (*Susceptible-Infected-AIDS*) and SIAT (*Susceptible-Infected-AIDS-Treatment*) and then compare the two models through simulation. The parameters used are rate of HIV transmission (β), rate of AIDS progression (δ), rate of HIV treatment (α_1), and rate of AIDS treatment (α_2). The data used for calculating parameter estimates are from Ministry of Health for cases 2014-2023. Simulations on the DTMC SIA epidemic model show that the number of HIV individuals has decreased, while the number of AIDS individuals has increased, reaching its peak with 24 individuals infected AIDS at $t=1000$. In contrast, DTMC SIAT epidemic model with ARV shows that the number of HIV/AIDS individuals has decreased, while the number of individuals receiving treatment has increased.

Keywords: epidemic, DTMC, HIV, AIDS, treatment

PENDAHULUAN

Kesehatan tubuh manusia merupakan aspek yang penting untuk dapat menunjang aktivitas, tetapi aktivitas dapat terhambat apabila manusia terserang penyakit. Penyakit dapat disebabkan oleh agen infeksius seperti virus, bakteri, atau parasit disebut sebagai penyakit menular (Monica dkk., 2024). Penyakit menular salah satunya adalah penyakit disebabkan oleh HIV (*Human Immunodeficiency Virus*). Virus tersebut dapat menginfeksi sel darah putih manusia yang berdampak pada kekebalan tubuh manusia sehingga menjadi lemah dan mudah terserang penyakit (Direktorat Jenderal Pencegahan dan Pengendalian Penyakit, 2022). Kandungan HIV dalam tubuh dan munculnya penyakit tertentu menandakan bahwa HIV telah berkembang menjadi AIDS (*Acquired Immunodeficiency Syndrome*). Penyakit AIDS merupakan sekumpulan gejala penyakit yang muncul karena turunnya kekebalan tubuh akibat HIV (Zamzami dkk., 2018).

World Health Organization (WHO) menyatakan bahwa lebih dari 42 juta manusia meninggal akibat HIV/AIDS sejak pertama kali ditemukan pada 5 Juni 1981 (World Health Organization, 2024). Kasus HIV di Indonesia pertama ditemukan di Bali pada tahun 1987, yang kemudian menyebar di seluruh provinsi. Hal ini mengakibatkan kasus terus meningkat dari tahun ke tahun (Kusnan dkk., 2020). Sampai tahun 2023, kasus kumulatif HIV di Indonesia mencapai 377.650 pasien, sementara kasus kumulatif AIDS mencapai 145.037 pasien (Direktorat Jenderal Pencegahan dan Pengendalian Penyakit, 2023). Kasus HIV di Indonesia didominasi oleh kelompok umur berusia produktif yang memiliki gaya hidup beresiko, seperti aktivitas homoseksual (31%), heteroseksual (14%), penggunaan jarum suntik bergantian (1%), dan lain lain. Sampai sekarang, belum ditemukan obat yang dapat menyembuhkan HIV/AIDS, tetapi ada jenis obat yang dapat memperlambat perkembangan virus yang disebut dengan *antiretroviral* (ARV). Penggunaan ARV memungkinkan individu dapat hidup lebih lama tanpa adanya perkembangan penyakit menuju AIDS (Faisah dkk., 2022).

Model matematika digunakan untuk menyederhanakan proses penyebaran penyakit menggunakan informasi klinis dan biologis. Model epidemi merupakan representasi matematika dari penyebaran penyakit di sebuah populasi (Prichanti *et al.*, 2023). Model ini dapat digunakan untuk merumuskan probabilitas berpindahnya penyakit dari individu satu ke individu lain. Model epidemi digunakan dalam penelitian ini untuk melihat pola penyebaran penyakit berdasarkan model matematika. Model epidemi terbagi menjadi dua jenis, yaitu

model deterministik dan stokastik. Model stokastik memperhatikan ketidakpastian dalam penyebaran penyakit, sedangkan model deterministik tidak memperhatikan ketidakpastian dalam penyebaran penyakit (Respatiawulan dkk., 2022).

Para peneliti telah memodelkan penyakit menular dengan beberapa pendekatan, seperti SIS (*Susceptible-Infected-Susceptible*), SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*), dan lain lain (Allen, 2008). Model epidemi berkembang menurut sifat penyakit itu sendiri, termasuk HIV/AIDS. Beberapa peneliti menambahkan kelompok A (AIDS) ke dalam model seperti model SIA (*Susceptible-Infected-AIDS*) yang dikembangkan oleh Eduafo (2011). Penelitian tersebut menunjukkan perlu peningkatan laju transisi dari individu I ke A dibandingkan S ke I untuk mengontrol penyebaran penyakit HIV/AIDS. Penelitian yang dilakukan oleh Zamzami dkk. (2018) tentang model matematika pada penyebaran HIV/AIDS dengan *treatment* menunjukkan bahwa *treatment* berguna pada individu HIV untuk menekan HIV agar tidak berkembang menjadi AIDS. Hasil penelitian menunjukkan besarnya laju infeksi HIV tahap lanjut pada individu HV akan mengurangi jumlah penderita, serta besarnya laju *treatment* pada individu HIV tahap awal dapat mengurangi jumlah penderita

Berdasarkan model epidemi SIA dan SIAT yang dilakukan pada penelitian sebelumnya, penelitian ini akan membahas penyebaran penyakit HIV/AIDS dengan membandingkan model SIA dan SIAT berdasarkan model matematika. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan wawasan tentang pola penyebaran penyakit dan memberikan informasi dari hasil simulasi.

METODE

Metode pada penelitian ini meliputi studi literatur dengan melakukan riset terhadap referensi teori dari berbagai macam sumber, seperti buku, jurnal, artikel, maupun situs internet yang relevan dengan topik penelitian ini. Sumber teori tersebut menjadi referensi dasar untuk melakukan analisis dan pengembangan model epidemi. Metode penelitian terdiri dari tahapan berikut.

1. Menurunkan model epidemi DTMC SIA dan DTMC SIAT pada penyebaran penyakit HIV/AIDS
 - a. Menentukan asumsi pada model epidemi DTMC SIA dan DTMC SIAT,
 - b. Menentukan parameter dan variabel acak untuk model epidemi DTMC SIA dan DTMC SIAT,

- c. Menghitung probabilitas transisi DTMC SIA dan DTMC SIAT pada penyebaran penyakit HIV/AIDS.
2. Melakukan simulasi model epidemi DTMC SIA dan DTMC SIAT pada pola penyebaran penyakit HIV/AIDS
 - a. Menghitung estimasi parameter berdasarkan data Kementerian Kesehatan Republik Indonesia tahun 2014 - 2023,
 - b. Menentukan jumlah individu awal pada kelompok S, I, A, dan T,
 - c. Membuat plot hasil simulasi model epidemi DTMC SIA dan DTMC SIAT, serta membandingkan kedua model tersebut,
 - d. Menginterpretasikan hasil simulasi.

HASIL

a. *Discrete Time Markov Chain* (DTMC)

Proses stokastik $X = \{X(t), t \in T\}$ adalah kumpulan variabel acak dengan t merupakan nilai dari variabel waktu T (Ross, 1996). Jika T merupakan himpunan berhingga dan indeks $T = \{0, 1, 2, \dots\}$ maka X merupakan proses stokastik waktu diskrit.

Proses Markov adalah proses stokastik yang memiliki sifat probabilitas kejadian di masa depan hanya bergantung pada kejadian saat ini dan tidak dipengaruhi kejadian di masa lalu (Taylor & Karlin, 1998). Proses stokastik disebut sebagai *Discrete Time Markov Chain* (DTMC) jika $T = \{0, 1, 2, \dots\}$ yang dinyatakan pada Persamaan (1).

$$P\{X(t + \Delta t) \mid X(0), X(\Delta t), \dots, X(t)\} = P\{X(t + \Delta t) \mid X(t)\} \quad (1)$$

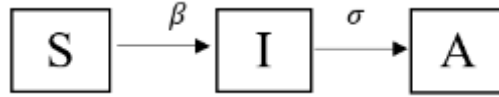
b. Model Epidemi DTMC SIA

Penyakit HIV terdiri dari beberapa tahap, yaitu tahap inkubasi, infeksi akut, tahap laten dan AIDS. Masa inkubasi merupakan tahap awal yang belum menunjukkan gejala, biasanya berlangsung selama dua hingga empat minggu. Tahap infeksi akut yaitu sistem imun berusaha melawan virus dengan membentuk antibodi, biasanya berlangsung selama 28 hari. Tahap laten yaitu virus terus berkembang dan menghancurkan sistem imun, biasanya berlangsung selama tiga tahun. Jika tidak diberi pengobatan, HIV akan berkembang menjadi AIDS yang menjadi tahap akhir dari penyakit ini (Eduafo, 2011). Model matematika untuk penyebaran penyakit HIV/AIDS pertama kali diperkenalkan oleh May dan Anderson pada tahun 1987. Asumsi pada model epidemi SIA sebagai berikut.

1. Penyebaran penyakit terjadi pada populasi tertutup sehingga tidak ada individu yang keluar atau masuk pada populasi.

2. Populasi terdiri dari satu penyakit.
3. Sifat populasi yaitu homogen sehingga individu memiliki karakteristik yang sama untuk terinfeksi penyakit.
4. Laju kelahiran dan kematian sama.
5. Penyakit HIV/AIDS tidak dapat sembuh total dari tubuh manusia.

Penyebaran penyakit dengan model SIA dinyatakan pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram Model Epidemi SIA

Parameter β adalah laju penularan HIV dan σ adalah laju perkembangan penyakit HIV menjadi AIDS. Populasi pada model epidemi DTMC SIA terdiri dari tiga kelompok, yaitu *Susceptible* (S), *Infected* (I), dan AIDS (A) (May & Anderson, 1987). *Susceptible* merupakan kelompok individu yang sehat dan rentan terhadap penyakit, *Infected* (I) merupakan kelompok yang sudah terinfeksi HIV, dan AIDS (A) merupakan kelompok yang telah mengalami perkembangan penyakit menjadi AIDS.

Penyebaran penyakit dengan model SIA terjadi ketika individu pada kelompok S beralih ke kelompok I dengan laju penularan sebesar β dan individu I beralih ke kelompok A dengan laju perkembangan penyakit sebesar σ . Jumlah individu *susceptible* pada waktu t adalah $S(t) = s$, jumlah individu *infected* pada waktu t adalah $I(t) = i$, dan jumlah individu AIDS pada waktu t adalah $A(t) = a$. Terdapat dua variabel acak independen pada model, yaitu $S(t)$ dan $I(t)$ karena $A(t) = S(t) - I(t)$, dengan N total individu pada populasi konstan.

Model DTMC SIA memiliki fungsi probabilitas bersama dinyatakan pada Persamaan (2).

$$p_{(s,i)}(t) = P\{S(t) = s, I(t) = i\} \quad (2)$$

dengan $s, i = 0, 1, 2, \dots, N$ dan $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$

Seiring berjalannya waktu, jumlah individu setiap kelompok dapat berubah. Besarnya perubahan dari *susceptible* ke *infected* pada waktu Δt adalah j dan *infected* ke AIDS adalah k . Perpindahan dari *state* s ke *state* $s + j$, *state* i ke *state* $i + k$ disebut sebagai transisi. Probabilitas transisi model epidemi DTMC SIA dinyatakan pada Persamaan (3).

$$p_{(s+j,i+k),(s,i)}(\Delta t) = P\{S(t + \Delta t) = s + j, I(t + \Delta t) = i + k \mid (S(t) = s, I(t) = i)\} \quad (3)$$

Lambang Δt merupakan periode satu kali terinfeksi dengan asumsi sangat kecil sehingga hanya terjadi satu perubahan pada interval waktu Δt (Arandya *et al.*, 2023).

Pada saat individu dari kelompok S melakukan kontak dengan individu I maka individu tersebut berpindah ke kelompok I. Hal tersebut menunjukkan terdapat transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$. Individu pada populasi N yang melakukan kontak dengan individu terinfeksi disimbolkan dengan $\frac{i}{N}$. Probabilitas transisi untuk kondisi tersebut dinyatakan pada Persamaan (4).

$$p_{(s-1,i+1),(s,i)}(\Delta t) = \beta \frac{i}{N} s \Delta t \quad (4)$$

Pada saat individu dari kelompok I penyakitnya telah berkembang menjadi AIDS maka individu tersebut berpindah ke kelompok A. Hal tersebut menunjukkan terdapat transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$. Probabilitas transisi untuk kondisi tersebut dinyatakan pada Persamaan (5).

$$p_{(s,i-1),(s,i)}(\Delta t) = \delta i \Delta t \quad (5)$$

Pada saat jumlah individu dalam setiap kelompok tetap tanpa adanya penambahan atau pengurangan maka dapat dikatakan tidak ada proses transisi yang terjadi. Hal ini dapat dinyatakan dengan adanya proses transisi dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) . Probabilitas transisi kondisi ini dinyatakan pada Persamaan (6).

$$p_{(s,i),(s,i)}(\Delta t) = 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \delta i \right] \Delta t \quad (6)$$

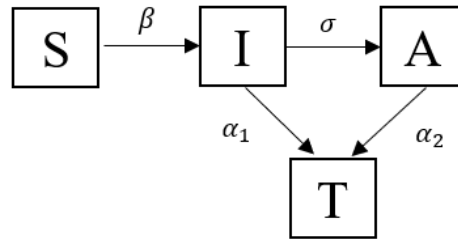
Transisi individu dari *state* satu ke *state* lain terjadi pada waktu yang sangat kecil dan memungkinkan hanya satu individu yang berpindah dalam proses transisi. Probabilitas lebih dari satu individu yang berpindah pada interval waktu Δt adalah nol. Berdasarkan probabilitas transisi setiap *state* pada Persamaan (4), (5), dan (6), probabilitas transisi untuk model epidemi DTMC SIA dinyatakan pada Persamaan (7).

$$p_{(s,i),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (j, k) = (-1, 1) \\ \delta i \Delta t, & (j, k) = (0, -1) \\ 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \delta i \right] \Delta t & (j, k) = (0, 0) \\ 0, & , \text{ yang lain} \end{cases} \quad (7)$$

dengan $S(0) > 0, I(0) > 0, A \geq 0$ dan β, δ bernilai positif.

c. Model Epidemii DTMC SIAT

Model epidemii DTMC SIAT merupakan modifikasi model epidemii SIAT dengan penambahan tahap *treatment* (T) atau pengobatan (Widyaningsih *et al.*, 2019). Pengobatan dilakukan dengan memberikan obat *antiretroviral* untuk mencegah pertumbuhan virus. Orang yang menjalani pengobatan akan memiliki kesempatan yang lebih besar untuk bertahan hidup. Asumsi yang digunakan pada model epidemii SIAT sama seperti SIA, tetapi terdapat penambahan asumsi individu yang telah menerima pengobatan tidak bisa menularkan penyakit ke individu lain. Penyebaran HIV/AIDS model SIAT dinyatakan pada Gambar 2.



Gambar 2. Diagram Model Epidemii SIAT

Parameter yang digunakan sama seperti model SIA dengan penambahan parameter α_1 berupa laju pengobatan dari individu HIV dan α_2 berupa laju pengobatan dari individu AIDS.

Probabilitas transisi untuk model epidemii DTMC SIAT pada dasarnya sama seperti model DTMC SIA yang menggunakan Persamaan (7), tetapi terdapat penambahan kelompok T dan variabel acak independen berupa $S(t)$, $I(t)$, dan $A(t)$ karena $T(t) = S(t) - I(t) - A(t)$. Probabilitas transisi untuk individu HIV dan AIDS yang berpindah ke kelompok T masing-masing dinyatakan pada Persamaan (8) dan (9).

$$p_{(s,i-1,a),(s,i,a)}(\Delta t) = \alpha_1 i \Delta t \quad (8)$$

$$p_{(s,i,a-1),(s,i,a)}(\Delta t) = \alpha_2 a \Delta t \quad (9)$$

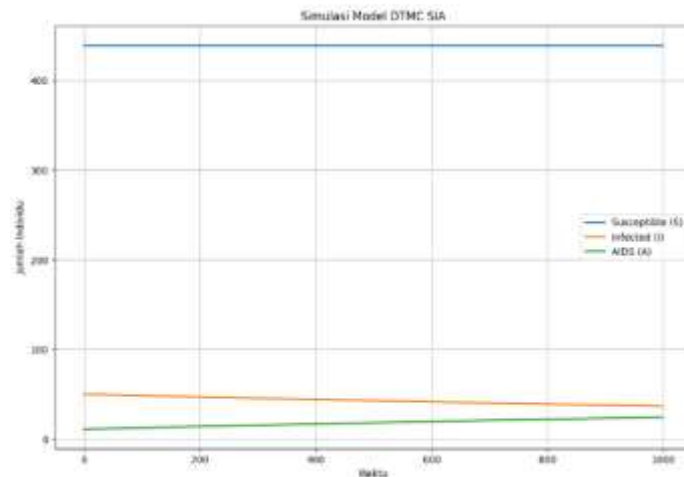
Probabilitas transisi untuk model epidemii DTMC SIAT dinyatakan pada Persamaan 10.

$$p_{(s,i,a),(s,i,a)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 1, 0) \\ \delta i \Delta t, & (j, k, l) = (0, -1, 1) \\ \alpha_1 i \Delta t, & (j, k, l) = (0, -1, 0) \\ \alpha_2 a \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, -1) \\ 1 - y, & (j, k, l) = (0, 0, 0) \\ 0, & \text{, yang lain} \end{cases} \quad (10)$$

dengan $y = \left[\beta \frac{i}{N} s + \delta i + \alpha_1 i + \alpha_2 a \right] \Delta t, S(0) > 0, I(0) > 0, A > 0, T \geq 0, \beta, \delta, \alpha_1, \alpha_2$ harus bernilai positif.

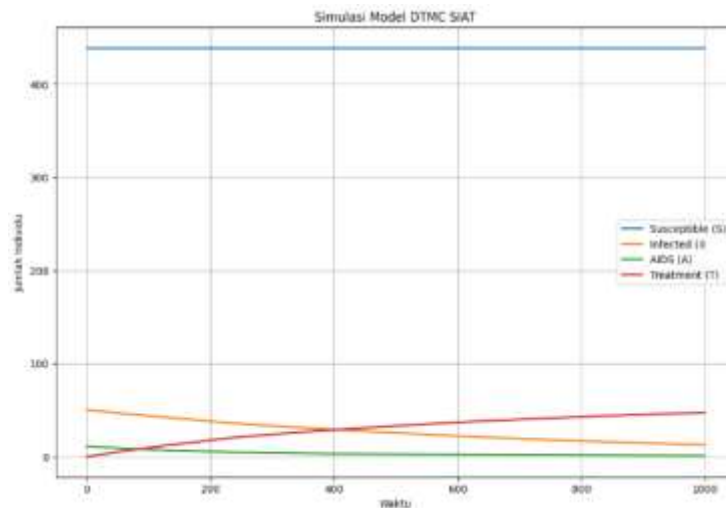
- d. Membandingkan dan Menginterpretasikan Hasil Simulasi DTMC SIA dan SIAT pada Penyebaran Penyakit HIV/AIDS

Probabilitas transisi pada Persamaan (7) dan (10) digunakan untuk melakukan simulasi. Simulasi untuk epidemi DTMC SIA dan SIAT dengan estimasi parameter $\hat{\beta}, \hat{\delta}, \hat{\alpha}_1, \hat{\alpha}_2$ menggunakan kasus HIV/AIDS di Indonesia tahun 2014-2023. Estimasi parameter yang dihasilkan yaitu $\hat{\beta} = 451 \times 10^{-6}$, $\hat{\delta} = 612 \times 10^{-4}$, $\hat{\alpha}_1 = 216 \times 10^{-3}$, $\hat{\alpha}_2 = 104 \times 10^{-2}$. Jumlah populasi diasumsikan konstan, yaitu $N = 1000$ dan jumlah individu awal pada masing-masing kelompok $S(0) = 939$, $I(0) = 50$, $A(0) = 11$, dan $T(0) = 0$. Hasil simulasi DTMC SIA pada penyebaran penyakit HIV/AIDS ditampilkan pada Gambar 3.



Gambar 3. Simulasi Model Epidemi DTMC SIA pada Penyebaran Penyakit HIV/AIDS

Berdasarkan Gambar 3, jumlah individu rentan cenderung konstan, jumlah individu HIV mengalami penurunan, dan jumlah individu AIDS mengalami peningkatan seiring penyakit individu HIV yang telah berkembang menjadi AIDS. Individu dengan AIDS dapat mencapai puncaknya pada $t = 1000$ sebanyak 24 individu terinfeksi. Pada simulasi, epidemi tidak berakhir sampai $t = 1000$ karena jumlah individu yang terinfeksi HIV/AIDS tidak mencapai angka nol. Hal ini sesuai dengan sifat penyakit HIV/AIDS yang tidak bisa disembuhkan dari tubuh manusia sehingga penyakit tetap ada dalam populasi.



Gambar 4. Simulasi Model Epidemi DTMC SIAT pada Penyebaran Penyakit HIV/AIDS Berdasarkan Gambar 4, jumlah individu rentan cenderung konstan, jumlah individu HIV dan AIDS mengalami mengalami penurunan, dan jumlah individu yang mendapatkan pengobatan mengalami peningkatan seiring dengan individu HIV/AIDS yang mendapatkan pengobatan. Pada simulasi, epidemi tidak berakhir sampai $t = 1000$ karena jumlah individu yang terinfeksi HIV/AIDS tidak mencapai angka nol. Hal ini sesuai dengan sifat penyakit HIV/AIDS yang tidak bisa disembuhkan dari tubuh manusia sehingga penyakit tetap ada dalam populasi.

PEMBAHASAN

Hasil simulasi pada model epidemi DTMC SIA menunjukkan jumlah individu HIV mengalami penurunan, sedangkan jumlah individu AIDS meningkat seiring waktu. Pola ini terjadi karena individu HIV yang tidak mendapatkan pengobatan cenderung berkembang menjadi AIDS. Sebaliknya, pada model DTMC SIAT, pemberian pengobatan ARV menyebabkan jumlah individu HIV/AIDS menurun, sementara jumlah individu yang menerima pengobatan (T) meningkat. Hasil penelitian menunjukkan dampak pengobatan yang signifikan dibandingkan model SIA, sejalan dengan penelitian Widyaningsih *et al.* (2019) yang juga menyoroti pentingnya pengobatan dalam memperlambat penyebaran penyakit. Zamzami dkk (2018) juga mengungkapkan hal serupa, adanya *treatment* menyebabkan penderita HIV/AIDS semakin berkurang.

Kebaruan dari penelitian ini terletak pada perbandingan hasil simulasi antara model SIA dan SIAT dengan model *Discrete Time Markov Chain* (DTMC). Model DTMC merupakan suatu proses stokastik yang memperhatikan kejadian acak dalam penyebaran penyakit pada waktu diskrit.

SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan asumsi pada penelitian ini, probabilitas transisi penyebaran penyakit HIV/AIDS dengan model DTMC SIA ditunjukkan pada Persamaan (7) dan model DTMC SIAT ditunjukkan pada Persamaan (10). Penelitian ini menunjukkan bahwa model DTMC SIA menggambarkan perkembangan penyakit HIV/AIDS tanpa pengobatan yang menyebabkan jumlah individu pada tahap AIDS meningkat. Sebaliknya, model DTMC SIAT dengan penambahan kelas *treatment* (T) menunjukkan efektivitas pengobatan ARV dalam menurunkan jumlah individu terinfeksi dan meningkatkan jumlah individu yang mendapatkan pengobatan. Penelitian selanjutnya disarankan untuk mempertimbangkan asumsi lain, seperti laju kematian dan kelahiran, serta sifat heterogen pada populasi. Hal ini model dapat lebih faktual dengan keadaan aslinya.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, L. J. S. (2008). An Introduction to Stochastic Epidemic Models. In *Mathematical epidemiology* (pp. 81–130). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Arandya, E. R., Respatiwan, & Susanti, Y. (2023). Simulation of Discrete-Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Infected Recovered Susceptible (DTMC SVIRS) Stochastic Epidemic Model on The Spread of Tuberculosis Disease in Central Java. *International Conference on Humanity Education and Sosial*, 2(1), 11.
- Direktorat Jenderal Pencegahan dan Pengendalian Penyakit. (2022). *Perkembangan Hiv Aids Dan Penyakit Infeksi Menular Seksual (PIMS) Triwulan IV Tahun 2022*. https://siha.kemkes.go.id/portal/files_upload/Laporan_TW_3_2022.pdf
- Direktorat Jenderal Pencegahan dan Pengendalian Penyakit. (2023). *Perkembangan Hiv Aids Dan Penyakit Infeksi Menular Seksual (PIMS) Triwulan I Tahun 2023*. Kementerian Kesehatan Republik Indonesia.
- Eduafo, S. (2011). An SIA Model of HIV Transmission in Ghana. *International Mathematical Forum* (2015) 10 95-104, 16(2), 39–55.
- 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>
- Kusnan, A., Eso, A., Asriati, A., Alifariki, L. ode, & Ruslan. (2020). Pengaruh Penyuluhan HIV/AIDS terhadap Peningkatan Pengetahuan dan Sikap Siswa Siswi Sekolah. *Journal of Health Sciences*, 13(01), 88–95. <https://doi.org/10.33086/jhs.v13i01.1214>
- May, R. M., & Anderson, R. M. (1987). Transmission dynamics of HIV infection. In *Nature* (Vol. 326, Issue 6109, pp. 137–142). <https://doi.org/10.1038/326137a0>

- Monica, R. D., Nursifa, N., Meidiawati, Y., Hasnah, F., & Ningsih, D. A. W. S. (2024). *Pengantar Ilmu Kesehatan Masyarakat* (D. A. W. S. Ningsih (ed.)). Gita Lentera.
- Prichanti, L. A., Respatiwan, & Handajani, S. S. (2023). The Application of Stochastic Epidemic Model CTMC SIS-SI on the Spread of Rabies (Case Study in China). *International Conference on Basic Sciences (ICBS)*, 9, 5–9.
- Respatiwan, P., W., Siswanto, S., Susanti, Y., & Zukhronah, E. (2022). *Pengenalan Beberapa Penerapan Model Stokastik*. Deepublish.
- Ross, S. M. (1996). *Stochastic processes* (2nd editio). John Wiley & Sons.
- Sigman, K. (2009). Simulating Markov Chains. In *Columbia University* (pp. 1–7). <http://www.columbia.edu/~ks20/stochastic-I/stochastic-I-MCI.pdf>
- Taylor, H. M., & Karlin, S. (1998). *An Introduction to Stochastic Modelling* (3rd ed, Vol. 44, Issue 2). Academic Press. <https://doi.org/10.2307/2348464>
- Widyaningsih, P., Zahra, U. U., Kurniawan, V. Y., Sutanto, & Saputro, D. R. S. (2019). Susceptible infected AIDS treatment (SIAT) model. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 243(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/243/1/012047>
- World Health Organization. (2024). *HIV Data and Statitics*. Diakses 8 Januari 2025. <https://www.who.int/teams/global-hiv-hepatitis-and-stis-programmes/hiv/strategic-information/hiv-data-and-statistics>
- 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.