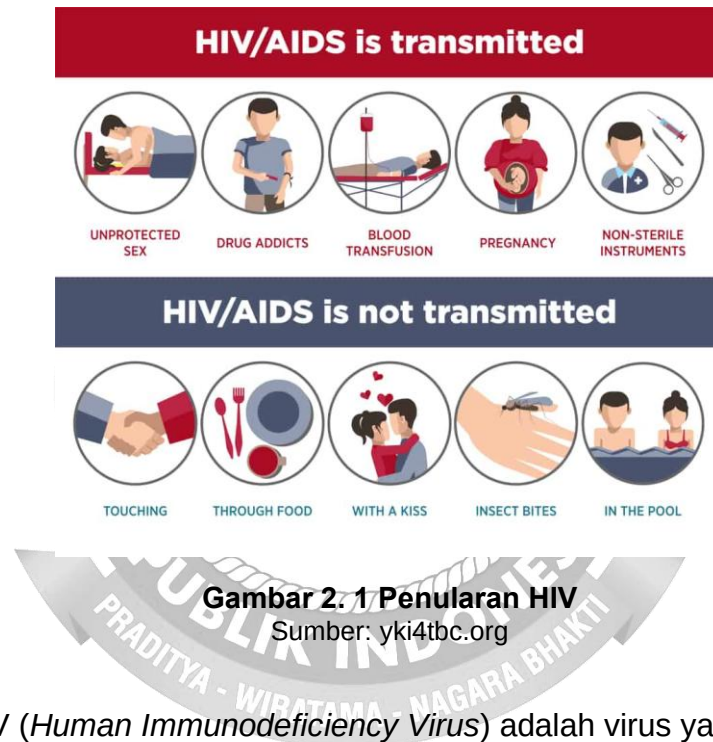


BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Landasan Teori

2.1.1 HIV



Gambar 2. 1 Penularan HIV

Sumber: yki4tbc.org

HIV (*Human Immunodeficiency Virus*) adalah virus yang menyerang sistem kekebalan tubuh manusia, terutama sel T CD4 yang penting dalam respons imun (Buchacz et al., 2020). Setelah masuk ke dalam tubuh, jika tidak segera ditangani dengan baik HIV dapat berkembang menjadi AIDS (*Acquired Immunodeficiency Syndrome*), kondisi di mana sistem kekebalan sangat lemah (Paraskevis et al., 2016). HIV bereplikasi di dalam sel CD4 dan mengakibatkan penurunan jumlah sel ini secara drastis. Penurunan sel CD4 akibat infeksi HIV melemahkan kemampuan tubuh untuk melawan infeksi lain termasuk malaria, yang umum terjadi di wilayah dengan tingkat prevalensi tinggi kedua penyakit ini (Khanal et al., 2020).

Penularan HIV terjadi melalui beberapa jalur, seperti hubungan seksual tanpa pelindung, penggunaan jarum suntik yang tidak steril, dan dari ibu ke anak saat kehamilan atau menyusui (Clutter et al., 2016).

Individu dengan infeksi HIV yang sudah mengalami penurunan CD4 lebih rentan terhadap malaria berat, dan hal ini diperburuk oleh kondisi lingkungan yang mendukung transmisi malaria, seperti tingginya populasi nyamuk *Anopheles* di daerah endemik (Rabiu et al., 2020) . Kombinasi kondisi lingkungan ini dan imunosupresi yang diinduksi HIV menjadikan pemodelan matematika yang mempertimbangkan faktor-faktor tersebut sebagai alat penting dalam memahami dinamika penyebaran ko-infeksi HIV dan malaria.

2.1.2 Malaria



Gambar 2. 2 Penularan malaria

Sumber: ypmak.or.id

Malaria adalah penyakit menular yang disebabkan oleh parasit *Plasmodium*, yang ditularkan melalui gigitan nyamuk betina dari genus *Anopheles*. Penyebaran malaria sangat dipengaruhi oleh faktor suhu dan kelembaban, yang berdampak pada siklus hidup nyamuk dan perkembangan parasit di dalam tubuhnya (Shapiro et al., 2017). Dengan berjalanya waktu spesies nyamuk mulai bermutasi sehingga terjadi resistensi insektisida pada beberapa spesies nyamuk menjadi semakin meluas, yang mengancam efektivitas kontrol berbasis vektor seperti penggunaan insektisida dan jaring berinsektisida (Stevenson & Norris, 2016). Model matematis berperan dalam memodelkan vector nyamuk

dalam hal penularan malaria, yang memungkinkan prediksi lebih akurat mengenai perubahan populasi nyamuk dan dampak intervensi pengendalian (Richard et al., 2020). Model ini mendukung strategi kesehatan untuk mengendalikan malaria, terutama di wilayah endemik yang dipengaruhi oleh perubahan iklim dan perilaku vektor (Pigeault et al., 2018).

2.1.3 Nilai Eigen dan Vektor Eigen

Vektor eigen dan nilai eigen adalah konsep fundamental dalam analisis matriks yang sering digunakan untuk memahami stabilitas dan sifat sistem dinamis, termasuk dalam model matematika penyakit menular seperti ko-infeksi HIV dan malaria. Penggunaan nilai eigen dalam model ko-infeksi HIV dan malaria juga membantu dalam identifikasi titik-titik kesetimbangan, dimana perubahan dalam parameter model dapat menyebabkan perubahan drastis dalam perilaku sistem, seperti peralihan dari keadaan bebas penyakit ke endemik atau sebaliknya (Bhat & Warbhe, 2022). Secara umum, vektor eigen adalah vektor yang arahnya tidak berubah ketika sebuah transformasi linear diterapkan, hanya skala atau panjangnya yang dapat berubah. Nilai skalar yang mengubah skala vektor tersebut disebut nilai eigen.

Misalkan A adalah sebuah matriks $n \times n$, maka vektor tak-nol x pada ruang vektor $\mathbb{R}^n$ disebut vektor eigen dari matriks A jika transformasi Ax adalah kelipatan skalar dari x . Ini berarti bahwa ketika vektor x diterapkan pada matriks A , arah dari x tidak berubah, hanya skala atau panjangnya yang berubah.

Persamaan ini dapat ditulis sebagai:

$$Ax = \lambda x \quad (2.1)$$

Berdasarkan persamaan 2.1 λ adalah skalar. Skalar λ disebut nilai eigen (eigenvalue) dari matriks A , dan x disebut vektor eigen (eigenvector) dari A yang terkait dengan nilai eigen λ (Zhang et al., 2018).

Guna menemukan nilai eigen dari matriks A , pada persamaan 2.1 dapat diubah menjadi:

$$(A - \lambda I)x = 0 \quad (2.2)$$

Mengacu pada persamaan 2.2, I adalah matriks identitas dengan ukuran yang sama seperti A . Agar persamaan ini memiliki solusi tak-nol, jika dan hanya jika determinan dari $(A - \lambda I)$ harus sama dengan nol, sehingga diperoleh:

$$\det(A - \lambda I) = 0 \quad (2.3)$$

Persamaan 2.3 disebut persamaan karakteristik, dan solusi dari persamaan karakteristik ini memberikan nilai-nilai eigen λ dari matriks A .

2.1.4 Persamaan Diferensial

Persamaan diferensial adalah persamaan yang melibatkan turunan suatu fungsi terhadap satu atau lebih variabel. Dalam konteks pemodelan matematika, persamaan diferensial digunakan untuk menggambarkan perubahan kontinu dalam sistem dinamis, seperti penyebaran penyakit dalam populasi. Persamaan diferensial memungkinkan peneliti untuk memformulasikan hubungan antara laju perubahan suatu variabel dengan variabel lainnya, sehingga dapat digunakan untuk memprediksi perilaku sistem dari waktu ke waktu (Yadav et al., 2015).

Persamaan diferensial biasa (PDB) melibatkan turunan dari fungsi yang bergantung pada satu variabel bebas, seperti waktu (t). Bentuk umum dari ODE adalah sebagai berikut:

$$\frac{dy}{dt} = f(y, t) \quad (2.4)$$

Berdasarkan persamaan 2.4 di dapatkan keterangan bahwa y adalah fungsi dari variabel waktu t , dan $\frac{dy}{dt}$ menyatakan laju perubahan y terhadap t . Persamaan diferensial biasa sering digunakan dalam model epidemiologi untuk memprediksi penyebaran infeksi dalam suatu populasi (Ramsay & Hooker, 2017). Melalui model ini, dapat dianalisis perubahan jumlah populasi yang rentan, terinfeksi, dan sembuh dari waktu ke waktu.

2.1.5 Titik Ekuilibrium

Titik ekuilibrium dalam sistem persamaan diferensial adalah posisi keseimbangan di mana variabel-variabel sistem mencapai keadaan stabil yang tidak berubah meskipun waktu berlalu. Pada titik ini, nilai semua variabel sistem tetap konstan, sehingga tidak ada dinamika perubahan dalam sistem tersebut. Dalam konteks persamaan diferensial, jika suatu sistem berbentuk $\dot{x} = f(x)$ dengan kondisi awal $x(0) = x_0$, maka titik ekuilibrium tercapai ketika $f(x) = 0$. Ini berarti bahwa nilai variabel pada titik tersebut tidak akan berubah seiring waktu karena semua laju perubahan (turunan) bernilai nol.

Titik ekuilibrium ini dapat dianalisis untuk menentukan kestabilannya. Analisis kestabilan sering dilakukan dengan mencari nilai eigen dari matriks Jacobian pada titik tersebut. Jika semua nilai eigen memiliki bagian real negatif, maka titik ekuilibrium stabil secara lokal. Sebaliknya, jika terdapat nilai eigen dengan bagian real positif, maka titik ekuilibrium tidak stabil dan sistem akan beralih ke keadaan lain (Oladapo et al., 2023).

2.1.6 Stabilitas Titik Ekuilibrium

Stabilitas titik ekuilibrium merujuk pada kemampuan sistem untuk mempertahankan kondisi keseimbangan setelah mendapat gangguan kecil. Kriteria stabilitas ini dapat dievaluasi menggunakan metode, seperti kriteria

Routh-Hurwitz, yang berguna dalam menentukan sifat nilai eigen dari matriks yang menyusun sistem. Dalam sistem persamaan diferensial linier, matriks A berukuran $n \times n$ memiliki nilai eigen yang diperoleh dari menyelesaikan persamaan karakteristik $|\lambda I - A| = 0$. Persamaan ini menghasilkan polinomial karakteristik yang dapat digunakan untuk analisis stabilitas sistem (Bourafa, S., Abdelouahab, M. S., & Moussaoui, 2020).

$$a_n \lambda^n + a_{n-1} \lambda^{n-1} + \dots + a_1 \lambda + a_0 \quad (2.11)$$

dengan $a_n = 1$.

Mengacu pada persamaan 2.11 selanjutnya diberikan teorema yang menyatakan hubungan nilai eigen dengan kestabilan titik ekuilibrium.

Teorema 2.1 (Khalil, 2002) Diberikan sistem persamaan diferensial linier yang dinyatakan dalam bentuk:

$$\dot{x} = Ax$$

dimana x merupakan vektor keadaan berukuran $n \times 1$, dan A adalah matriks koefisien berukuran $n \times n$. Matriks A memiliki nilai *eigen* $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_k$ dengan $k \leq n$. Berdasarkan sifat nilai eigen dari matriks A , dapat ditentukan kestabilan titik ekuilibrium $\bar{x}$ sebagai berikut:

1. Titik ekuilibrium $\bar{x}$ dikatakan stabil asimtotik jika dan hanya jika $\lambda_i < 0, \forall i = 1, 2, \dots, k$.
2. Titik ekuilibrium $\bar{x}$ dikatakan stabil jika $\lambda_i < 0$ dan terdapat $\lambda_j = 0$ dengan $i = 1, 2, \dots, k$ dan $1 \leq j \leq k$.
3. Titik ekuilibrium dikatakan tidak stabil jika $\exists \lambda_i > 0$ dengan $i = 1, 2, \dots, k$

Definisi 2.1 (Anton, 2005) Misalkan A adalah matriks berukuran $n \times n$, maka vector tak nol x di $\mathbb{R}^n$ disebut vektor eigen dari A jika Ax adalah kelipatan skalar dari x , yaitu

$$Ax = \lambda x$$

untuk suatu skalar λ . Skalar λ disebut nilai eigen dari A dan x dikatakan sebagai vektor eigen dari A yang bersesuaian dengan λ .

Teorema 2.2 (Anton, 2005) Misalkan A adalah matriks berukuran $n \times n$ dengan komponen A merupakan bilangan real. Pernyataan-pernyataan berikut ekuivalen satu sama lain:

- λ adalah nilai eigen dari A .
- Sistem persamaan $(\lambda I - A)x = 0$ mempunyai solusi tak trivial.
- Untuk $\lambda \in \mathbb{R}$, maka ada vector tak nol x di dalam $\mathbb{R}^n$ sehingga $Ax = \lambda x$
- λ adalah penyelesaian dari persamaan karakteristik $\det(\lambda I - A) = 0$.

Teorema 2.3 (Zill dan Cullen, 2009) Sistem linear $x' = Ax$, stabil asimtotis jika dan hanya jika nilai eigen dari A mempunyai bagian real negatif atau dinotasikan sebagai $\text{Re}(\lambda_i(A)) < 0$.

2.1.7 Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar atau R_0 , merupakan konsep kunci dalam epidemiologi yang digunakan untuk menilai potensi penyebaran penyakit dalam suatu populasi dan menentukan apakah suatu infeksi akan menjadi endemik. Secara umum, R_0 mengukur rata-rata jumlah kasus sekunder yang dapat ditimbulkan oleh satu individu yang terinfeksi dalam populasi yang sepenuhnya rentan terhadap penyakit tersebut. Nilai ini digunakan sebagai indikator untuk memahami tingkat penularan: jika $R_0 > 1$, infeksi berpotensi menyebar dengan cepat dalam populasi; sebaliknya

jika $R_0 < 1$, penyebaran infeksi akan berkurang seiring waktu hingga akhirnya punah (Delamater et al., 2019).

Nilai R_0 dapat diperoleh melalui berbagai pendekatan. Salah satu metode yang sering digunakan adalah dengan menyusun matriks yang mencerminkan jumlah individu baru yang terinfeksi. Matriks ini dikenal sebagai *Next Generation Matrix* (NGM) dan disimbolkan dengan G . Pada matriks G , setiap elemen G_{ij} menunjukkan rata-rata jumlah individu dari tipe i yang terinfeksi oleh individu dari tipe j dalam kondisi populasi sepenuhnya rentan.

Penentuan nilai R_0 dilakukan dengan menghitung radius spektral, yaitu nilai eigen dominan dari matriks G . Sebagai matriks non-negatif, matriks G memiliki sifat yang menjamin keberadaan satu nilai eigen positif tunggal, yang sekaligus menjadi nilai R_0 . Matriks NGM G terbentuk dari dua komponen utama, yaitu matriks F dan invers matriks V , sehingga dapat dirumuskan sebagai berikut:

$$G = F \cdot V^{-1} \quad (2.12)$$

dengan:

$$F = \left[\frac{\partial F_i(x_0)}{\partial x_j} \right] \quad (2.13)$$

$$V = \left[\frac{\partial V_i(x_0)}{\partial x_j} \right] \quad (2.14)$$

Formula pada persamaan (2.13), menjelaskan F_i merepresentasikan tingkat infeksi baru yang terjadi, sementara V_i menggambarkan perpindahan infeksi antara berbagai kompartemen populasi. Variabel x_0 merepresentasikan kondisi keseimbangan bebas infeksi. Dengan NGM,

R_0 dapat dicari dengan menentukan nilai eigen terbesar dari matriks $G = FV^{-1}$ atau dapat dinyatakan sebagai $R_0 = \rho(G)$.

2.1.8 Model Matematika

Model matematika dalam epidemiologi digunakan untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit dalam suatu populasi. Pada kasus ko-infeksi HIV dan malaria, model ini dapat dimodifikasi dengan menambahkan komponen yang mempertimbangkan interaksi antara kedua penyakit serta pengaruh, seperti nyamuk sebagai vektor malaria. Model SEIR (Susceptible-Exposed-Infected-Recovered) secara luas digunakan untuk memodelkan penyebaran penyakit dalam populasi, termasuk untuk ko-infeksi seperti HIV dan malaria. Model ini membagi populasi menjadi empat kategori: Susceptible (**S**) atau individu yang rentan; Exposed (**E**), yaitu individu yang telah terpapar agen infeksi; Infected (**I**), yang menunjukkan individu terinfeksi dan mampu menularkan; serta Recovered (**R**), mereka yang telah sembuh dan memiliki kekebalan.

Pada penyakit dengan masa inkubasi seperti malaria, model SEIR sering disesuaikan untuk memasukkan faktor-faktor populasi manusia, seperti peran nyamuk sebagai vektor. Modifikasi ini memungkinkan model untuk menangkap interaksi antara HIV dan malaria, serta mempelajari dinamika penyebaran koinfeksi HIV malaria. Model ini membantu peneliti memahami pola penyebaran ko-infeksi, titik keseimbangan infeksi, dan mengevaluasi strategi pengendalian penyakit dalam populasi tertentu (Ahkrizal et al., 2023).

Total populasi N diasumsikan sebagai jumlah dari keempat kelompok ini, yaitu:

$$N = S + E + I + R \quad (2.15)$$

Secara umum perubahan tersebut dapat dilihat pada diagram transfer dan di modelkan dalam persamaan diferensial berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \mu N - \beta \left(\frac{SI}{N} \right) - \mu S \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta \left(\frac{SI}{N} \right) - \gamma E - \mu E \\
 \frac{dI}{dt} &= \gamma E - \epsilon I - \mu I \\
 \frac{dR}{dt} &= \epsilon I - \mu R
 \end{aligned}
 \tag{2.16}$$

dengan:

N : Populasi total

S : Kelas populasi rentan (susceptible)

E : Kelas populasi terekspos (exposed)

I : Kelas populasi terinfeksi (infected)

R : Kelas populasi sembuh (recovered)

μ : Laju kelahiran dan kematian alami dalam populasi

β : Laju penularan penyakit dari individu rentan (S) yang berinteraksi dengan individu terinfeksi (I)

γ : Laju transisi dari individu terekspos (E) ke individu terinfeksi (I)

ϵ : Laju pemulihan individu terinfeksi (I) menjadi kebal (R)

Modifikasi model SEIR di lakukan dengan menambahkan parameter lingkungan nyamuk. untuk model SEIR ini untuk populasi manusia tetap mempertahankan struktur dasar dengan empat kompartemen, yaitu individu rentan (S), terekspos (E), terinfeksi (I), dan sembuh (R). Namun, model ini dikembangkan lebih lanjut dengan memasukkan vektor nyamuk. Dalam kategori nyamuk dewasa, terdapat pembagian lebih lanjut menjadi tiga kategori: nyamuk rentan terhadap infeksi (S), nyamuk yang telah terpapar infeksi namun belum dapat menularkan (E), dan nyamuk terinfeksi

yang dapat menularkan penyakit kepada manusia (I). sehingga dapat membentuk model seperti berikut:

$$A = S + E + I \quad (2.17)$$

Pendekatan ini memberikan gambaran yang lebih realistis mengenai dinamika penyebaran penyakit, terutama untuk penyakit seperti malaria yang ditularkan oleh nyamuk (Richard et al., 2020). Menambahkan siklus hidup nyamuk dalam model epidemi memungkinkan analisis yang lebih rinci terhadap interaksi antar tahap perkembangan nyamuk (Mangobi et al., 2023). Penambahan fase perkembangan nyamuk dalam model epidemiologi memungkinkan analisis yang lebih mendalam terhadap interaksi antara populasi manusia dan nyamuk, serta dampak faktor lingkungan terhadap penyebaran penyakit (Gashaw et al., 2019).

2.2 Penelitian Terdahulu

Penelitian-penelitian terdahulu dapat ditinjau pada tabel 2.1

Tabel 2. 1 Penelitian – penelitian terdahulu

No	Ref	Judul	Metode	Hasil
1	Oladapo et al. (2023).	<i>Mathematical Analysis of Sensitive Parameters on the Dynamical Transmission of HIV-Malaria Co-infection</i>	SEIR Model, Sensitivitas Parameter	Perubahan kecil pada tingkat penularan malaria atau mortalitas HIV dapat menyebabkan perubahan besar pada prevalensi kedua penyakit. Simulasi model menunjukkan bahwa pengendalian transmisi malaria lebih efektif mengurangi prevalensi co-infeksi dibandingkan dengan pengendalian terpisah. secara bersamaan.
2	Badshah & Akbar (2021)	<i>Stability analysis of fractional</i>	SEIR Model,	Penelitian ini menemukan bahwa kestabilan titik keseimbangan

No	Ref	Judul	Metode	Hasil
		<i>order SEIR model for malaria disease in Khyber Pakhtunkhwa</i>	Analisis Stabilitas	endemik sangat bergantung pada angka reproduksi dasar.
3	Singh et al. (2019)	<i>Mathematical model for malaria with mosquito-dependent coefficient for human population with exposed class</i>	SEIR model, analisis sensitivitas	pada model SEIR yang mencakup kelas terpapar untuk populasi manusia menunjukkan bahwa faktor lingkungan yang memengaruhi populasi nyamuk, seperti suhu dan kelembapan, sangat berpengaruh terhadap penyebaran malaria. Model ini mengidentifikasi bahwa perubahan dalam faktor lingkungan nyamuk dapat memodifikasi dinamika transmisi malaria.
4	Ahkrizal et al. (2023)	<i>Dynamics System in the SEIR-SI Model of the Spread of Malaria with Recurrence</i>	SEIR-SI model, analisis sensitivitas dan stabilitas	SEIR-SI yang mempertimbangkan rekuren infeksi menunjukkan bahwa penyebaran malaria cenderung meningkat dengan adanya kasus infeksi berulang.

Sumber : diolah oleh peneliti

Penelitian oleh Oladapo et al. (2023) menggunakan model SEIR untuk menganalisis parameter-parameter sensitif dalam penyebaran ko-infeksi HIV-malaria. Mereka menemukan bahwa perubahan kecil pada tingkat penularan malaria atau mortalitas HIV dapat menyebabkan perubahan besar dalam prevalensi kedua penyakit. Selain itu, simulasi model ini menunjukkan bahwa pengendalian transmisi malaria lebih efektif dalam mengurangi prevalensi ko-infeksi dibandingkan pengendalian kedua penyakit secara terpisah. Temuan ini menjadi dasar penting bagi

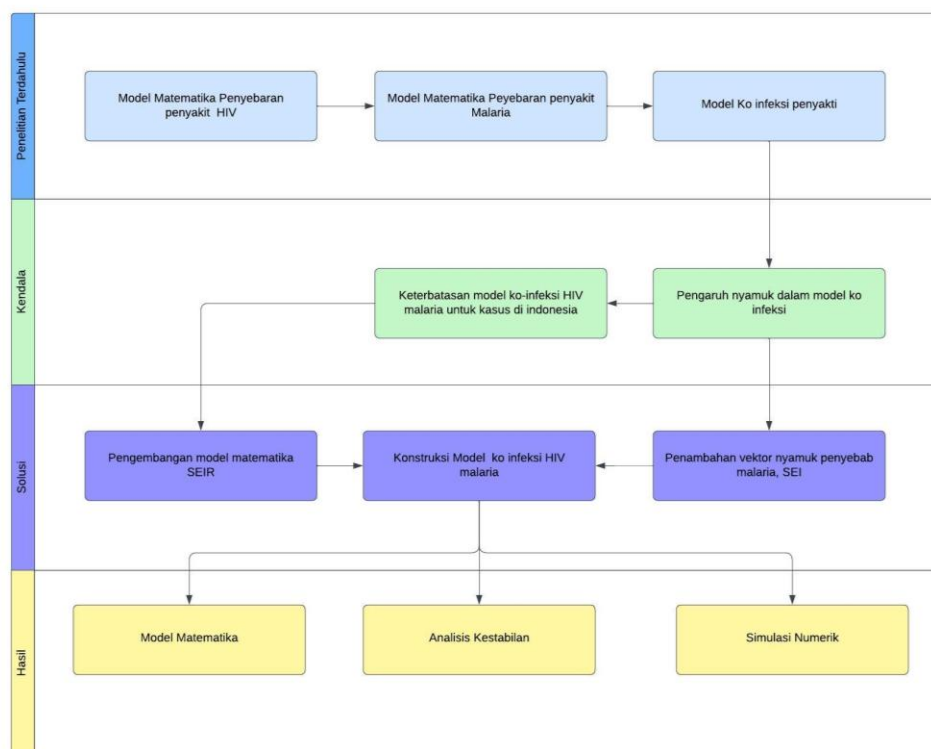
penelitian ini untuk menitikberatkan pengaruh laju transmisi malaria dalam model ko-infeksi. Sementara itu, studi Badshah & Akbar (2021) melakukan analisis kestabilan pada model SEIR dengan orde fraksional untuk penyakit malaria di wilayah Khyber Pakhtunkhwa. Penelitian ini menegaskan bahwa kestabilan titik keseimbangan endemik sangat bergantung pada angka reproduksi dasar (R_0), sehingga pemahaman tentang nilai R_0 sangat krusial untuk mengendalikan penyakit. Ini mengarahkan penelitian saat ini untuk melakukan analisis kestabilan titik setimbang dan menghitung bilangan reproduksi dasar sebagai indikator penting dalam model ko-infeksi. Penelitian oleh Singh et al. (2019) memperkenalkan model matematika malaria dengan koefisien yang bergantung pada populasi nyamuk, khususnya dengan memasukkan kelas terpapar untuk populasi manusia. Studi ini menunjukkan bahwa faktor lingkungan seperti suhu dan kelembapan yang mempengaruhi populasi nyamuk memiliki peran sangat penting dalam dinamika transmisi malaria. Perubahan dalam faktor lingkungan ini dapat memodifikasi pola penyebaran penyakit secara signifikan.

Berdasarkan penelitian-penelitian tersebut, penelitian ini membangun model matematika yang menggabungkan penyebaran HIV dan malaria sekaligus dengan cara yang lebih lengkap. Model SEIR yang umum digunakan tetap dipakai untuk populasi manusia, namun ditambah dengan model nyamuk yang dibagi menjadi tiga kelompok: nyamuk sehat, nyamuk terpapar, dan nyamuk yang bisa menularkan penyakit. Penelitian ini juga fokus pada menghitung titik keseimbangan dan nilai reproduksi dasar (R_0), seperti yang telah dilakukan di penelitian sebelumnya, untuk melihat apakah penyakit akan terus menyebar atau berhenti. Selain itu, peran nyamuk sebagai vektor diperhitungkan agar hasil model lebih nyata dan sesuai dengan kondisi Papua. Model ini juga memperhitungkan infeksi ulang malaria agar bisa menangkap pola penyakit secara lebih lengkap. Dengan begitu, penelitian ini diharapkan bisa memberikan

gambaran yang lebih jelas dan akurat tentang bagaimana ko-infeksi HIV dan malaria menyebar di Papua, dan menjadi dasar untuk membuat strategi pengendalian yang efektif.

2.3 Kerangka Pemikiran

Penelitian ini dimulai dengan permasalahan dimana tidak ada nya model epidemiologi matematika. Dalam hal ini, penulis menyusun kerangka pemikiran dalam Bagan 2.1.



Bagan 2. 1 Kerangka Pemikiran

Sumber: diolah oleh peneliti

Bagan 2.1 menggambarkan alur kerangka berpikir untuk penelitian tentang ko-infeksi HIV dan malaria dengan mempertimbangkan adanya keterbatasan yang meneliti ko infeksi ini. Penelitian ini diawali dengan mengidentifikasi penelitian terdahulu, yang mencakup model transmisi HIV, model transmisi malaria, dan studi dalam epidemiologi. Model-model ini menjadi dasar untuk mengidentifikasi beberapa keterbatasan yang ada. Berdasarkan penelitian terdahulu, ditemukan masalah dalam model

matematika eksisting yang dinilai belum memadai untuk menangani dinamika ko-infeksi HIV dan malaria secara bersamaan, terutama dalam populasi nyamuk. Model konvensional juga terbatas dalam memprediksi efek ko-infeksi dengan adanya vector nyamuk.

Untuk mengatasi masalah ini, alur kerangka berpikir ini mengusulkan beberapa solusi. Pertama, metode SEIR diterapkan untuk memodelkan infeksi pada populasi manusia. Selain itu, pengembangan model matematika baru dilakukan untuk mengintegrasikan metode SEI diterapkan untuk model populasi nyamuk guna memperhitungkan siklus hidup nyamuk dan status infeksi nyamuk dewasa dalam penyebaran malaria. Implementasi dari solusi ini dimulai dengan pengumpulan data epidemiologi yang relevan untuk mendukung pengembangan dan validasi model. Selanjutnya, analisis titik keseimbangan dan nilai R_0 dilakukan untuk menentukan stabilitas sistem dan potensi penyebaran penyakit. Hasilnya, penelitian ini menghasilkan wawasan tentang kestabilan titik keseimbangan dan nilai R_0 melalui analisis mendalam. Selain itu, simulasi numerik digunakan untuk menguji performa model terhadap data yang ada, memberikan pemahaman yang lebih baik tentang ko-infeksi HIV-Malaria. Akhirnya, model matematika yang dihasilkan bersifat fleksibel dan dapat dikembangkan lebih lanjut untuk penelitian epidemiologi di masa depan.