

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penyakit hepatitis merupakan masalah kesehatan masyarakat di dunia termasuk Indonesia, yang terdiri dari hepatitis A, B, C, D, dan E. Hepatitis A dan E ditularkan secara (*fecal-oral*) (**Kementrian Kesehatan RI, 2014**). Penularan *fecal-oral* adalah penularan mikroorganisme yang dapat menyebarkan penyakit (patogen) dari partikel virus seseorang yang terinfeksi, dari satu orang ke dalam mulut orang lain melalui makanan dan minuman yang telah terkontaminasi (**Bui dkk, 2016**). Hepatitis B, C, dan D penularannya dapat disebabkan dari ibu ke bayi yang dikandung, dapat juga dari transfusi darah atau cairan tubuh (**Kominfo, 2021**). Sebanyak 1,5 juta penduduk dunia meninggal setiap tahunnya karena hepatitis. Berdasarkan hasil riset kesehatan dasar (Riskesdas) studi dan uji sari darah donor PMI, diperkirakan diantara 100 orang Indonesia, 10 diantaranya telah terinfeksi hepatitis B atau C. Sehingga diperkirakan terdapat 28 juta penduduk Indonesia yang terinfeksi hepatitis B dan C, 14 juta diantaranya berpotensi kronis, dan dari kronis tersebut 1,4 juta berpotensi kanker hati. Hepatitis merupakan masalah kesehatan yang serius ditingkat nasional maupun global. Dari semua jenis hepatitis, hanya hepatitis C yang belum memiliki vaksin (**Kementrian Kesehatan RI, 2014**).

Hepatitis C (HCV) diklasifikasikan dalam genus *Hepacivirus* dalam keluarga *Flaviviridae*. HCV merupakan penyebab utama hepatitis kronis dan penyakit hati di seluruh dunia. Diperkirakan 170 juta orang terinfeksi di seluruh dunia dengan kemampuan virus untuk membentuk suatu infeksi kronis sekitar 70%. Tidak mengherankan bahwa HCV menyebabkan penderitaan dan beban bagi masyarakat. Infeksi HCV kronis sering dikaitkan dengan perkembangan penyakit hati yang serius, termasuk sirosis, gagal hati, dan hepatoseluler karsinoma (**McCaughan dkk, 2012**).

Menurut *World Health Organization* (**WHO, 2019**), Tuberkulosis (TB) adalah penyakit menular yang dapat mengakibatkan kesehatan menurun, yang merupakan salah satu dari 10 penyebab kematian di seluruh dunia. TB disebabkan

oleh bakteri *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) yang menyerang paru-paru, dan menyebar ketika individu yang terinfeksi TB menularkan bakteri MTB dengan cara batuk, bersin, atau meludah.

Indonesia merupakan negara yang mempunyai masalah kesehatan penyakit TB terbesar ke-2 di dunia setelah India, dan termasuk dalam *High Burden Countries* dengan total biaya yang diperlukan untuk menangani TB sebesar US\$ 117 juta. Di Indonesia biaya pengobatan pasien yang penyakit TB mencapai Rp. 1.843.537 dengan sebagian besar dihabiskan pada biaya obat (Suarayasa dkk, 2019). Berdasarkan Kementrian Kesehatan RI (2018), Jumlah kasus baru TB di Indonesia sebanyak 420.994 kasus pada tahun 2017 (data per 17 Mei 2018). Berdasarkan jenis kelamin, jumlah kasus baru TB tahun 2017 pada laki-laki 1,4 kali lebih besar dibandingkan pada perempuan.

Hasil survei prevalensi TB Nasional 2013-2014 menunjukkan bahwa beban TB Indonesia yang diperkirakan oleh WHO yaitu sebesar 272 kasus per 100.000 penduduk, ternyata jauh lebih besar yaitu didapati angka prevalensi TB sebesar 647 kasus per 100.000 penduduk atau berarti bahwa 0,65% populasi Indonesia menderita TB, hal ini setara dengan 1.600.000 kasus TB, dan setiap tahun terjadi 1.000.000 kasus baru. Penemuan kasus TB sebesar 330.729 pada tahun 2015, akan tetapi diperkirakan terdapat 669.271 kasus TB per tahun yang belum ditemukan, angka penemuan kasus TB (*case detection rate*) ini hanya sebesar 33,07%, ini menyebabkan adanya kesenjangan yang besar dan harus segera tangani (Suarayasa dkk, 2019).

Wu dkk (2015) membahas tentang adanya korelasi antara HCV dan TB. Hipotesisnya, infeksi HCV merupakan salah satu faktor yang dapat mengembangkan infeksi TB. Studi observasi sebelumnya menunjukkan bahwa HCV dan TB memiliki populasi berisiko tinggi, terutama pada orang tunawisma, tahanan, dan pasien *human immunodeficiency virus* (HIV). Lebih lanjut, terdapat penelitian mengenai studi kasus kontrol dengan menggunakan data Veteran Amerika Serikat, yang menunjukkan bahwa infeksi HCV dapat dikaitkan dengan penyakit TB. *World Health Organization* (WHO, 2018) menjelaskan bahwa individu yang terinfeksi penyakit HCV dapat berisiko terkena infeksi bakteri MTB.

Umumnya penyakit TB harus dirawat sebelum memulai terapi HCV. Individu yang terinfeksi HCV dan sedang dirawat karena TB, penting untuk dipantau fungsi hati, karena resiko hepatotoksitas yang diinduksi oleh antimikobakteri dari pasien koinfeksi HCV-TB lebih tinggi daripada pasien monoinfeksi TB.

Pemodelan matematika merupakan bidang matematika yang berusaha untuk merepresentasikan dan menjelaskan problem pada dunia real dalam formulasi matematika (**Prayudi, 2006**). Dalam skripsi ini, mengambil referensi model matematika penyebaran HCV oleh **Cui dkk (2019)**, dan referensi model matematika penyebaran TB oleh **Kim dkk (2018)**. Referensi model HCV dan TB tersebut menggunakan sistem persamaan diferensial orde bilangan bulat yang tidak memiliki efek memori, yang mempresentasikan bahwa laju perubahan populasi tidak hanya bergantung pada kondisi saat ini, tetapi juga bergantung terhadap semua kondisi sebelumnya. Sistem persamaan diferensial fraksional merupakan sistem yang memiliki efek memori yang memiliki peran penting dalam penyebaran suatu penyakit.

Beberapa peneliti telah mengembangkan model matematika HCV dan TB dengan pendekatan model fraksional Caputo. **Khodabakhshi dkk (2017)** menggunakan turunan fraksional Caputo untuk meneliti dinamika HCV. **Zhang dkk (2021)** memanfaatkan turunan fraksional Caputo untuk meneliti dinamika transmisi bakteri penyakit TB di Khyber Pakhtunkhwa, Pakistan, dan menyimpulkan bahwa turunan fraksional Caputo memberikan lebih banyak wawasan tentang dinamika penyakit dan cara mengurangi penyebaran penyakit. **Shen dkk (2021)** memanfaatkan turunan fraksional Caputo untuk menganalisis koinfeksi HBV-HCV, dan mengamati bahwa turunan fraksional Caputo dapat digunakan dalam pemodelan biologis. **Tanvi dkk (2021)** menggunakan turunan fraksional Caputo untuk meneliti dinamika transmisi koinfeksi HIV-TB, dengan memasukkan reinfeksi TB pada individu TB dan koinfeksi HIV-TB.

Dari uraian di atas, penulis tertarik untuk mengkaji mengenai model matematika koinfeksi HCV-TB dengan pendekatan sistem persamaan diferensial orde fraksional, menggunakan turunan orde fraksional Caputo. Model dasar yang

digunakan yaitu, model matematika penyebaran HCV oleh **Cui dkk (2019)**, dan model matematika penyebaran TB oleh **Kim dkk (2018)**.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan, permasalahan yang akan dibahas adalah sebagai berikut :

1. Bagaimana bentuk sistem persamaan diferensial orde fraksional model matematika penyebaran koinfeksi HCV-TB ?
2. Bagaimana analisis kestabilan sistem persamaan diferensial orde fraksional model matematika penyebaran koinfeksi HCV-TB ?
3. Bagaimana interpretasi hasil simulasi numerik model matematika orde fraksional penyebaran koinfeksi HCV-TB ?

1.3 Tujuan

Berdasarkan rumusan permasalahan, tujuan yang akan dicapai sebagai berikut:

1. Mendapatkan bentuk sistem persamaan diferensial orde fraksional model matematika penyebaran koinfeksi HCV-TB.
2. Menganalisis kestabilan sistem persamaan diferensial orde fraksional model matematika penyebaran koinfeksi HCV-TB.
3. Menginterpretasi hasil simulasi numerik model matematika orde fraksional penyebaran koinfeksi HCV-TB.

1.4 Manfaat

Manfaat yang dapat diperoleh sebagai berikut :

1. Bagi penulis, sebagai sarana belajar dalam mengambil atau mengkaji permasalahan memodelkan matematika penyebaran penyakit.
2. Bagi pembaca, sebagai suatu informasi tentang memodelkan penyakit penyebaran koinfeksi HCV-TB.

1.5 Batasan Masalah

Batasan masalah yang akan digunakan dalam pembahasan ini adalah model dasar penyakit HCV dan model dasar penyakit TB :

1. Model dasar HCV merujuk pada **Cui dkk (2019)** dan model dasar TB merujuk pada **Kim dkk (2018)**.
2. Sistem persamaan diferensial fraksional (SPDF) dalam skripsi menggunakan turunan fraksional Caputo.