

## ABSTRAK

### ANALISIS MODEL MATEMATIKA PENGOBATAN KOMBINASI RTI DAN PI PADA SEL T CD4<sup>+</sup>

oleh

Rera Fareralita

2010113140093

*Human Immunodeficiency Virus* (HIV) merupakan virus yang menyerang sistem imun, sasaran utama virus kebanyakan adalah sel T CD4<sup>+</sup>. *Reverse transcriptase inhibitors* (RTI) berfungsi untuk menghambat proses infeksi virus dan *protease inhibitors* (PI) berfungsi untuk menghalangi kinerja enzim protease yang memotong protein virus sebelum dirakit membentuk virus baru. Model matematika dibangun dengan kombinasi terapi obat antiretroviral RTI dan PI. Bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) adalah parameter yang menentukan tingkat keendemikan diturunkan dari *Next Generation Matrix* (NGM). Titik kesetimbangan tidak terinfeksi stabil asimtotik lokal jika  $\mathcal{R}_0 < 1$  dan tidak stabil jika  $\mathcal{R}_0 > 1$ . Titik kesetimbangan terinfeksi stabil asimtotik lokal ketika  $\mathcal{R}_0 > 1$ . Jika  $\eta < \eta_{crit}$ , maka  $\mathcal{R}_0 > 1$  dan jika  $\eta > \eta_{crit}$ , maka  $\mathcal{R}_0 < 1$ . Simulasi numerik digunakan untuk menjelaskan mengenai kemanjuran obat dimana nilai kemanjuran *critical drug* adalah  $\eta_{crit} = 0,85$ . Gabungan dua obat PI dan RTI dengan nilai efikasi *overall drug* sebesar  $\eta = 0,86$  telah efektif dalam menurunkan infeksi virus pada sel T CD4<sup>+</sup>.

**Kata kunci** : Sel T CD4<sup>+</sup>, HIV, RTI, PI, Bilangan Reproduksi Dasar