

**PENGEMBANGAN MODEL ESTIMASI JUMLAH SEL T CD4+
MENGUNAKAN qRT-PCR PADA PASIEN TERINFEKSI HIV**

TESIS



Oleh

PUJI OKTAVIA

NIM : 2320312003

Pembimbing :

Dr. dr. ANDANI EKA PUTRA, M. Sc

Dr. dr. GESTINA ALISKA, Sp.FK

**PROGRAM STUDI ILMU BIOMEDIS PROGRAM MAGISTER
FAKULTAS KEDOKTERAN UNIVERSITAS ANDALAS**

2026

ABSTRAK
PENGEMBANGAN MODEL ESTIMASI JUMLAH SEL T CD4+
MENGUNAKAN qRT-PCR PADA PASIEN TERINFEKSI HIV

Puji Oktavia

Latar Belakang : Jumlah sel T CD4+ merupakan parameter utama dalam menilai status imun dan progresivitas penyakit pada pasien yang terinfeksi *Human Immunodeficiency Virus* (HIV). *Flow cytometry* merupakan metode standar dalam pengukuran jumlah sel T CD4+, namun memiliki keterbatasan dalam hal biaya, infrastruktur, dan aksesibilitas, terutama pada fasilitas dengan sumber daya terbatas. Oleh karena itu, diperlukan pendekatan alternatif berbasis molekuler yang lebih sederhana. Pemanfaatan nilai *Cycle Threshold* (Ct) dari *quantitative real-time polymerase chain reaction* (qRT-PCR) sebagai prediktor kuantitatif jumlah sel T CD4+ masih terbatas, khususnya dalam bentuk model matematis yang tervalidasi.

Tujuan : Mengembangkan model estimasi jumlah sel T CD4+ berbasis nilai Ct dari qRT-PCR pada pasien terinfeksi HIV.

Metode : Penelitian ini menggunakan desain observasional analitik dengan pendekatan *cross-sectional*. Model dikembangkan berdasarkan hasil serial dilusi dari tiga sampel sehat menggunakan analisis regresi log-linear, kemudian divalidasi pada sepuluh sampel pasien HIV. Data yang dianalisis meliputi nilai Ct hasil pemeriksaan qRT-PCR dan jumlah sel T CD4+ hasil pemeriksaan *flow cytometry*.

Hasil : Penelitian menunjukkan adanya hubungan negatif yang kuat antara nilai Ct dan jumlah sel T CD4+. Model regresi terbaik yang diperoleh adalah $y = -0,3144x + 9,929$ yang memiliki koefisien determinasi yang tinggi ($R^2 = 0,9833$). Hasil validasi menunjukkan nilai $p = 0,744$, yang menunjukkan tidak terdapat perbedaan bermakna secara statistik antara hasil estimasi menggunakan qRT-PCR dan hasil pemeriksaan *flow cytometry*.

Kesimpulan : Penelitian ini mengembangkan model estimasi jumlah sel T CD4+ berbasis qRT-PCR dengan performa prediksi yang baik. Model tersebut berpotensi digunakan sebagai metode alternatif untuk estimasi awal jumlah sel T CD4+ pada pasien HIV, khususnya di fasilitas pelayanan kesehatan dengan keterbatasan akses terhadap *flow cytometry*. Meskipun demikian, diperlukan penelitian lanjutan dengan jumlah sampel yang lebih besar serta validasi eksternal yang lebih komprehensif untuk meningkatkan kemampuan generalisasi model sebelum diterapkan dalam praktik klinis.

Kata kunci: CD4, HIV, qRT-PCR, Cycle Threshold, regresi log-linear, estimasi biomarker

ABSTRACT

DEVELOPMENT OF A qRT-PCR-BASED CD4+ T CELL COUNT ESTIMATION MODEL IN HIV-INFECTED PATIENTS

Puji Oktavia

CD4+ T lymphocyte count is a key biomarker for assessing immune status and disease progression in individuals infected with Human Immunodeficiency Virus (HIV). Although flow cytometry remains the gold standard for CD4+ T cell measurement, its application is often limited by cost, infrastructure, and accessibility, particularly in resource-limited settings. Therefore, the development of simpler and more accessible molecular-based alternative approaches is of significant clinical importance. The utilization of Cycle Threshold (Ct) values derived from quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) as a quantitative predictor of CD4+ T cell counts remains limited, especially in the form of validated mathematical models.

This study aimed to develop and evaluate a CD4+ T cell count estimation model based on Ct values from qRT-PCR in HIV-infected patients. An analytical observational study with a cross-sectional design was conducted. The model was developed using serial dilution data from three healthy samples through log-linear regression analysis, and subsequently validated on ten HIV patient samples. Data analyzed included Ct values from qRT-PCR and CD4+ T cell counts measured by flow cytometry.

The results demonstrated a strong negative relationship between Ct values and CD4+ T cell counts. The best regression model obtained was $y = -0.3144x + 9.929$ with a high coefficient of determination ($R^2 = 0.9833$). Validation results showed p-value of 0.744, indicating no statistically significant difference between qRT-PCR-based estimations and flow cytometry measurements.

This study successfully developed a qRT-PCR-based CD4+ T cell count estimation model with good predictive performance. The model has potential as an alternative method for initial CD4+ T cell count estimation in HIV patients, particularly in healthcare settings with limited access to flow cytometry. Nevertheless, further studies with larger sample sizes and more comprehensive external validation are needed to improve the generalizability of the model prior to broader clinical implementation.

Keywords: CD4, HIV, qRT-PCR, Cycle Threshold, log-linear regression, biomarker estimation