

Bidang Unggulan : Tropical Studies
Kode / Nama rumpun Ilmu : 351 / Epidemiologi/mikrobiologi

LAPORAN
HIBAH PENELITIAN PERGURUAN TINGGI

*The Development of Four Universities as The Centre of Excelent For Nation
Competitiveness*



Analisa Varian Covid-19 di Kota Samarinda
(Analisis of Covid19 Varian in Samarinda City)

Tim Pengusul:

1. Dr dr Rahmat Bakhtiar, MPPM NIDN:03180266
2. Dr dr Yadi MSi NIDN: 18067410
3. Dr dr Nathanael Tandirogang Msi NIDN: 26126704
4. Dr. Iwan M. Ramdan, SKp.,M.Kes NIDN :07097505

UNIVERSITAS MULAWARMAN

Desember , 2021

RINGKASAN

Mutasi dan varian baru SARS-CoV-2 sering dikaitkan dengan peningkatan jumlah kasus harian Covid-19. Peningkatan kasus di Inggris, India dan Indonesia dalam 2 bulan terakhir disinyalir disebabkan varian Delta dan Gamma. Kota Samarinda telah ditetapkan sebagai daerah PPKM level 4 dengan penalaran komunitas. Penelitian ini bertujuan mengetahui mutasi dan varian yang terjadi dan apakah berkaitan dengan perubahan-perubahan determinan seperti gejala klinis, cycle threshold (CT), pola penyebaran, sosio demografi, merokok, golongan darah dan tingkat kematian. Penelitian ini merupakan studi analitik observasional yang menggunakan desain *cross sectional studi*. Data pasien COVID-19 terkonfirmasi positif dengan PCR yang memeriksakan diri antara tanggal 12 Juli sampai 8 September 2021 di Laboratorium Mikrobiologi Fakultas Kedokteran Universitas Mulawarman. Sebanyak 1366 sampel positif SARS Cov2 yang memenuhi kriteria inklusi dianalisa. Tes PCR untuk SARS-CoV-2 mendeteksi sekuens target asam nukleat yang ditentukan, hasil positif dikaitkan dengan nilai ambang batas siklus (Ct): jumlah siklus PCR yang diperlukan untuk menghasilkan sinyal yang dapat dideteksi. Peneliti menggunakan analisis metode gen ORF1ab dan RpDp untuk mengukur nilai CT. Nilai Proporsi CT < 25 = 52,5%, nilai CT 26 – 30 = 20,1% dan nilai CT 31-40 = 27,3%. Kami menemukan bahwa proporsi nilai CT <25 tertinggi dengan gejala sesuai karakteristik Varian Delta meningkat pada bulan Juli sampai awal bulan Agustus di 4 (empat) wilayah kota Samarinda ketika varian Delta terdeteksi menyebar di Indonesia. Dalam penelitian ini peneliti belum dapat mendeteksi varian Delta pada daerah yang berpotensi terdapat varian baru. Dalam menganalisa terdapatnya varian baru di suatu daerah yang diperkirakan ada diperlukan surveilans genom virus pada populasi yang spesifik.

Kata kunci: Covid19 - Varian, demografi, gejala klinis, cycle threshold (CT),

DAFTAR ISI

		Hal
	Halaman Cover	
	Lembar Pengesahan	i
	Daftar Isi	ii
	Ringkasan	1
BAB I	Pendahuluan	
1.1	Latar Belakang	1
1.3	Tujuan Khusus	2
1.4	Urgensi Penelitian	3
1.5	Temuan yang ditargetkan dan Kontribusi terhadap Pengetahuan	4
BAB II	Tinjauan Pustaka	8
2.1	Stae of Art	5
2.2	Peta Jalan Penelitian	6
2.3	Hasil Penelitian Terdahulu	7
2.4	Hasil Studi Pendahuluan	8
2.5	Lokasi Penelitian	8
BAB IV	Metode Penelitian	
3.1	Jenis Penelitian	9
3.2	Bagan Alir Pelatihan	9
3.3	Tahapan Penelitian	10
3.4	Luaran Penelitian	11
BAB V	Biaya dan Jadwal Penelitian	
4.1	Anggaran Penelitian	12
4.2	Jadwal Penelitian	12
BAB VI	Hasil Penelitian	
6.1	Gambaran Lokasi dan Sampel Penelitian	13
6.2	Hasil Penelitian dan Diskusi	14
BAB VII	Kesimpulan dan Saran	
7.1	Kesimpulan	20
7.2	Saran saran	20
	Ucapan Terimakasih	20
	Kepustakaan	21
	Manuskrip Penelitian	
	Justifikasi Anggaran	

DAFTAR GAMBAR

		hal
Gambar 1	Kerangka Teori Penelitian	5
Gambar 2	Peta Jalan Penelitian	6
Gambar 3	Bagan Alir Penelitian	10
Gambar 4	Luaran Penelitian	11
Gambar 5	Metodologi RT-PCR dan deteksi sampel positif	13
Gambar 6	Flowchart Sampel Penelitian	15
Gambar 7	Sebaran Lokasi Domisili penderita Covid 19 (desa)	17

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Mutasi dan varian baru SARS-CoV-2 yang saat ini banyak diberitakan dan menimbulkan ketakutan masyarakat sehubungan dengan terjadi peningkatan jumlah kasus harian COVID-19 di India yang mencapai 400.000/hari hingga bulan April 2021. Lonjakan kasus Covid-19 yang terjadi di beberapa negara saat ini berpotensi memunculkan varian Corona baru. Di Afrika, kasus baru melampaui puncak gelombang kedua selama tujuh hari yang berakhir pada 4 Juli dan jumlah kematian minggu ini naik 40%. Di awal pandemi, terdapat satu varian virus corona yakni SARS-CoV-2. WHO melaporkan saat ini terdapat empat varian Covid-19 yakni Alpha, Beta, Gamma, dan Delta dan menetapkan adanya Variant of Interest (VOI) dan Variant of Concern (VOC) pada virus SARS-CoV-2(1). Varian Delta yang pertama kali diidentifikasi di India, telah menyumbang hampir 60% dari semua kasus infeksi Covid-19 di AS dan virus yang paling cepat penularannya dan berpotensi menjadi strain yang dominan. Peningkatan kasus Covid19 di Indonesia diperkirakan disebabkan oleh adanya varian baru. Berdasarkan Data Balitbangkes, saat ini di Indonesia terdapat lima jenis varian baru Covid-19 yang dibagi menjadi 3 varian dengan golongan *Variant of Concern* (VoC), terdapat jenis *alpha*, *beta* dan *delta* sedang dua lainnya adalah *Variant of Interest* (VoI) yakni varian *eta* dan *kappa*(2,3).

Variant of concern (VOC) adalah VOI yang berhubungan dengan peningkatan penyebaran dan perubahan epidemiologi yang mengarah pada luaran klinis, atau peningkatan virulensi atau perubahan manifestasi klinis, atau penurunan efektivitas metode diagnosis, vaksin, dan terapi yang digunakan. Badan Litbangkes Kemenkes RI melaporkan sebanyak 553 kasus varian baru dengan akumulasi 436 kasus varian *delta*, 57 kasus varian *beta*, 51 kasus varian *alpha*, 5 kasus varian *eta*, 2 kasus varian *kappa* dan 1 kasus varian *lota*. Distribusi penyebaran 436 kasus terdapat di sembilan provinsi di Indonesia, yaitu DKI Jakarta (195 kasus), Jawa Barat (134 kasus), Jawa Tengah (80 kasus), Jawa Timur (13 kasus), Banten (4 kasus), Sumatera Selatan (3 kasus), Kalimantan Tengah (3 kasus) dan Kalimantan Timur (3 kasus) dan Gorontalo (1 kasus). Laporan terbaru menunjukkan di Kalimantan Timur varian delta meningkat menjadi 13 Kasus(2).

Semua virus, termasuk SARS-CoV-2, berubah seiring waktu. Sebagian besar perubahan tidak banyak berdampak pada struktur virus. Namun, beberapa perubahan dapat memengaruhi sifat virus, seperti seberapa mudah penyebarannya, tingkat keparahan penyakit terkait, kinerja vaksin, obat terapeutik, alat diagnostik, atau tindakan kesehatan dan sosial masyarakat lainnya(4). Surveilans genom SARS-CoV-2 yang diperoleh secara berkala atau mendekati real-time akan memungkinkan Indonesia melakukan prediksi, dan mengambil tindakan pencegahan, penanganan, serta pelaporan yang cepat dan tepat, yang sangat diperlukan dalam upaya pengendalian pandemi ini. Peningkatan penularan atau perubahan dalam pola transmisi menyulitkan dalam epidemiologi Covid-19. Peningkatan virulensi atau perubahan presentasi penyakit klinis berdampak kepada meningkatnya keparahan yang menyebabkan angka kematian meningkat.

Penyidikan mengenai perjalanan deteksi mutan dan varian SARS-CoV-2 bukan merupakan bagian dari aktivitas rutin laboratorium, karena memerlukan biaya yang besar; analisa kompleks dan tidak segera mempengaruhi dalam pelayanan pasien Covid-19. Deteksi mutan dan varian SARS-CoV-2 dilakukan dengan metode pemetaan genomik (Whole Genome Sequencing) untuk mengetahui lokasi dan jenis mutasi. Dengan adanya varian baru dari SARS-CoV-2 yang telah diuraikan di atas, menyebabkan meningkatnya kewaspadaan kembali tentang pentingnya penerapan protokol kesehatan 5M. Masyarakat yang memiliki penyakit penyerta beresiko tinggi terinfeksi Covid-19 dengan gejala yang berat yang tentunya mengancam kematian. Penyakit penyerta yang berhubungan dengan Covid-19 antara lain penyakit jantung, diabetes mellitus dan hipertensi. Berdasarkan data Kementerian Kesehatan provinsi Kalimantan Timur merupakan menduduki peringkat tiga kasus penyakit tidak menular di Indonesia dengan demikian resiko penularan dan kematian akibat Covid19 relatif lebih tinggi dibandingkan dengan daerah lain. Berdasarkan uraian diatas peneliti tertarik mengetahui apakah SARS Cov2 di Kota Samarinda telah mengalami mutasi dan varian baru dan apakah berkaitan dengan perubahan perubahan determinan seperti gejala klinis, *cycle threshold* (CT), pola penyebaran, sosio demografi, merokok, golongan darah dan tingkat kematian.

B. Tujuan Khusus

Penelitian ini secara khusus bertujuan untuk:

1. Mengetahui distribusi dan frekuensi gejala klinis Covid19 di Kota Samarinda
2. Mengetahui sebaran nilai *cycle threshold* (CT) Covid19 di Kota Samarinda

3. Mengetahui hubungan sosiodemografi (umur dan jenis kelamin) dengan kejadian Covid19
4. Mengatahui hubungan merokok dengan kejadian Covid19
5. Mengetahui hubungan status golongan darah dengan kejadian Covid19
6. Mengetahui hubungan sumber penularan dengan kejadian Covid19

C. Urgensi (keutamaan) Penelitian

Pandemi ditandai dengan munculnya penyakit di luar kebiasaan yang terjadi dalam waktu relatif singkat serta memerlukan upaya penanggulangan secepat mungkin dengan mempertimbangkan pertumbuhan atau perkembangan agen penyebab penyakit. Virus SARS Cov2 sebagai penyebab Covid19 telah bermutasi menghasilkan strain yang lebih cepat menular dan mendominasi populasi virus di area tersebut. Samarinda adalah salah satu kota yang ditetapkan sebagai Pemberlakuan Pembatasan Kegiatan Masyarakat (PPKM) level 4. Penelitian ini bertujuan untuk menyelidiki dan menganalisis strain SARS Cov2 di Kota Samarinda, sehingga dapat dilakukan upaya penanggulangan dan pencegahan yang efektif sehingga penyebaran virus dapat dikendalikan. Berdasarkan kesimpulan hasil penelitian, para pemangku kepentingan Kesehatan di kota Samarinda dapat melakukan serangkaian upaya pengendalian Covid19 berdasarkan identifikasi faktor determinan penyakit seperti gejala klinis, cycle treshold (CT), pola penyebaran, sosio demografi, merokok, golongan darah sehingga pola penyebaran dari diidentifikasi dan tindakan atau intervensi pengendalian dapat dilakukan secara efektif.

D. Temuan yang ditargetkan dan Kontribusi terhadap ilmu pengetahuan

Tabel 1 Luaran Penelitian

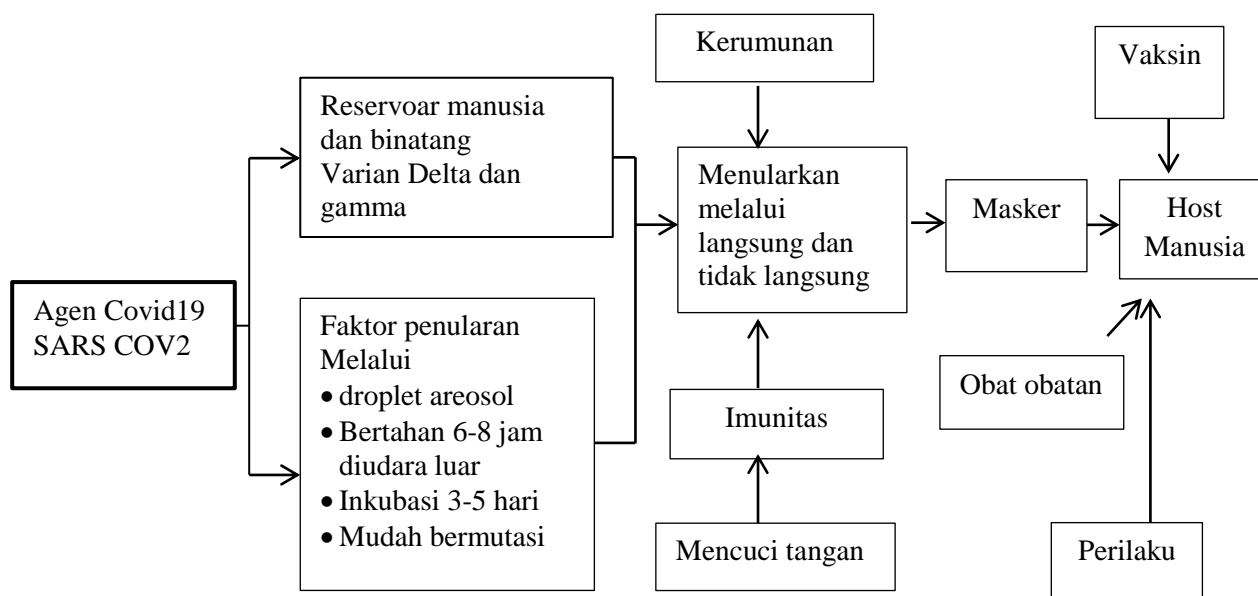
No	Jenis Luaran		Indikator Capaian		
			TS ¹⁾	TS+1	TS+2
1.	Artikel ilmiah dimuat di jurnal	Internasional bereputasi	Submitted		
		Nasional terakreditasi			
2.	Artikel ilmiah dimuat di prosiding	Internasional Terindeks			
		Nasional			
3.	Invited speaker dalam temu ilmiah	Internasional			
		Nasional			
4.	Visiting Lecturer	Internasional			
5.	Hak Kekayaan Intelektual (HKI)	Paten			
		Paten sederhana			
		Hak Cipta			
		Merek dagang			
		Rahasia dagang			
		Desain Produk Industri			
		Indikasi Geografis Terpadu			
		Perlindungan Varietas Tanaman			
		Perlindungan Topografi Sirkuit			
6.	Teknologi Tepat Guna				
7.	Model/Purwarupa/Desain/Karya seni/ Rekayasa Sosial				
8.	Buku Ajar (ISBN)				
9.	Tingkat Kesiapan Teknologi (TKT)	Level 2			

Luaran penelitian ini berupa manuskrip hasil penelitian yang akan publikasikan Prosiding terindeks dan jurnal internasional terindeks Q4.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

A. State of Art

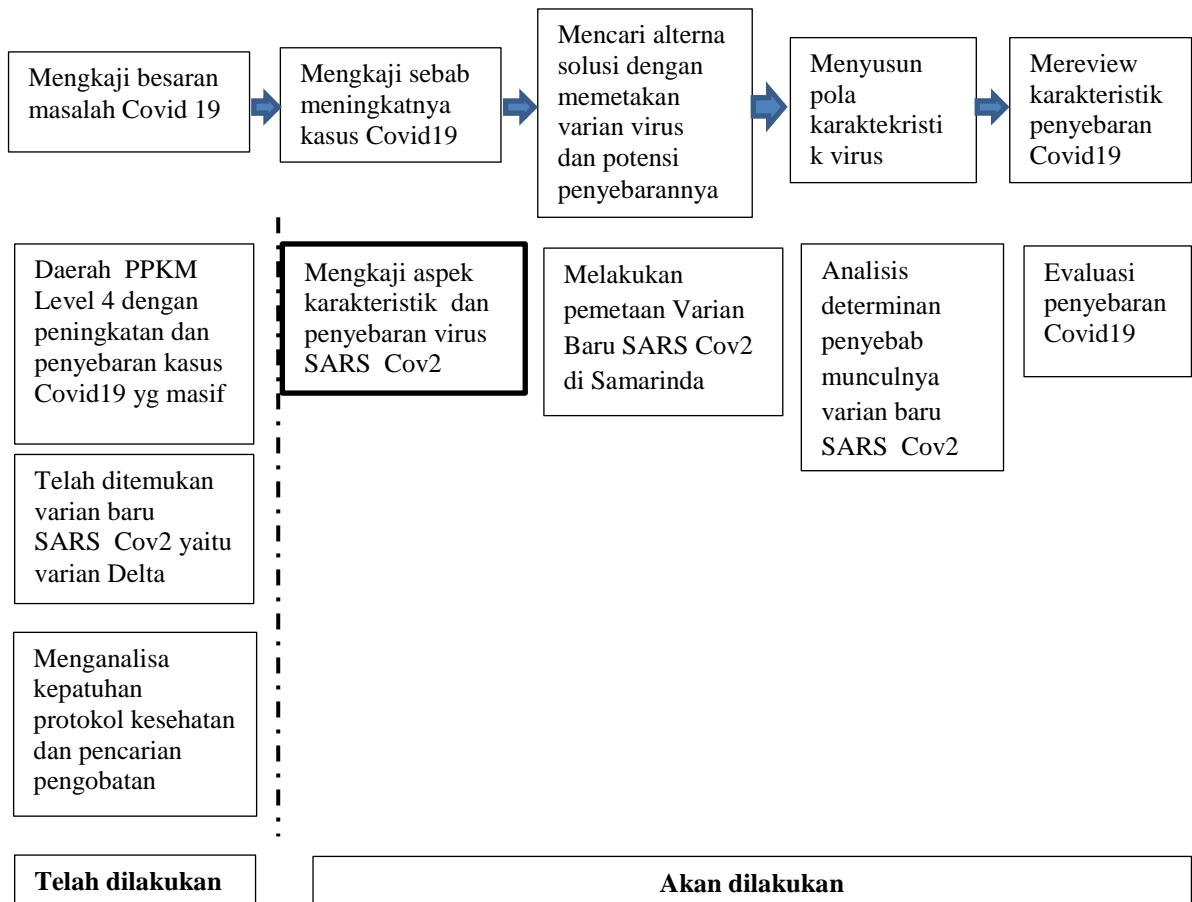


Gambar 1. Kerangka Teori Penelitian

Manusia adalah reservoir dari SARS Cov2 dan sumber penularan utama droplet yaitu cairan atau percikan air yang keluar dari saluran pernapasan ketika seseorang batuk maupun bersin. Secara tidak langsung dapat menyebar melalui virus yang menempel di permukaan benda benda selama 6-8 jam, namun dapat resisten terhadap udara panas, dingin, dan kering. Virus ini ditularkan secara langsung maupun tidak langsung, semua kelompok umur yang tersering terkena Covid 19 adalah > 50 tahun, meskipun dalam berbagai literatur jarang terjadi pada usia Balita, tetapi varian baru dilaporkan juga dapat menginfeksi bayi dan balita. SARS Cov2 dapat terdispersi dengan debu dan sinar matahari langsung dapat membunuh virus selama beberapa jam. Kepadatan, sanitasi yang tidak baik, daya tahan tubuh yang lemah, kebersihan tangan, dan mobilitas mempermudah penularan dan proses infeksi terjadinya Covid19. Status imunisasi yang tidak lengkap, tidak memakai masker dan tidak menjaga jarak, tidak mencuci tangan setelah melakukan aktivitas berhubungan dengan terjadinya Covid19. Penyakit penyerta atau comorbid memiliki hubungan

bermakna dengan kejadian Covid19. Sedangkan pengetahuan, sikap, tindakan tentang Covid19 yang kurang tidak memiliki hubungan langsung dengan dengan terjadinya Covid19(5–10).

B. Peta Jalan Penelitian



Gambar 2. Peta Jalan Penelitian

Menurut WHO, peningkatan status kesehatan masyarakat di suatu wilayah tertentu diawali dengan pengkajian derajat kesehatan penduduk saat ini dengan mengukur besaran peningkatan dan penyebaran penyakit serta tingkat kematian yang disebabkan penyakit tersebut. Dalam hal ini Kementerian Kesehatan Republik Indonesia telah melakukan pengkajian tersebut yang didasarkan atas laporan perkembangan peningkatan Covid19, dan Samarinda dinyatakan daerah penyebaran Covid19 dengan status PPKM Level 4. Untuk mendiagnosa faktor penyebab peningkatan dan penyebaran penyakit infeksi yang masif di suatu wilayah maka langkah selanjutnya adalah mengidentifikasi faktor-faktor yang mempengaruhi serta menggambarkan tingkat penyebaran dan virulensi dari virus. Dalam hal ini akan dilakukan penelitian atau penelusuran lebih

mendalam tentang faktor-faktor risiko Pandemi Covid19 dan pemetaan varian baru SARS Cov2 di Samarinda. Setelah diketahui faktor risiko (serta analisis faktor risiko yang paling dominan) pandemi Covid19 tersebut maka langkah selanjutnya adalah mencari alternatif solusi dengan meminimalkan pengaruh faktor determinan derajat kesehatan yang efektif dan efisien, yang dilanjutkan dengan penyusunan program kegiatan berdasarkan konsep alternative solisi terpilih. Selanjutnya adalah implementasi program dan diakhiri dengan menilai kembali penyebaran Covid19 pada akhir program, dengan mengukur indikator keadaan kesehatan untuk dibandingkan dengan kondisi sebelum program dijalankan.

C. Hasil penelitian terdahulu

COVID-19 adalah penyakit yang disebabkan oleh SARS-CoV-2 yang muncul awal Desember tahun 2019 di Wuhan, China. Sifat virus corona tersebut mudah menginfeksi manusia dan mudah menyebar hampir keseluruhan penjuru dunia. Oleh karena itu terjadilah wabah (pandemi) COVID-19. Jenis *coronavirus* ini adalah patogen yang muncul kembali dan menjadi tantangan global bagi kesehatan masyarakat. Seiring berjalannya waktu, virus corona mengalami mutasi gen. Mutasi gen merupakan perubahan gen secara spontan dan bersifat turun menurun dari partikel virus induk ke partikel virus anaknya. Laporan tentang mutasi pada SARSCoV-2 telah terjadi di Afrika selatan, Inggris dan India memiliki penyebaran yang cepat(4,5,11–13).

Penyebaran virus ini terjadi dengan cepat. Sumber infeksi adalah penderita dengan pneumonia COVID-19. Transmisi atau penularan yang utama terjadi melalui droplet dari saluran nafas. Selain itu, transmisi terjadi akibat kontak erat dengan penderita. Pada beberapa kondisi dapat melalui transmisi udara (*airborne*). Pada penderita COVID-19 tidak ditemukan RNA disampel urin maupun serum. Masa inkubasi dapat terjadi pada hari ke 0-5, dilaporkan rata-rata sekitar 3-9 hari dengan kisaran antara 0-24 hari. Seseorang dapat menularkan (periode infeksi) terjadi lebih dulu sebelum muncul gejala, yaitu sekitar 2.5 hari lebih awal dari gejala. Diperkirakan 44% penularan terjadi pada periode tersebut. Melakukan kontak erat dengan seseorang yang berada dalam periode infeksi akan berisiko tertular. Namun, belum dapat diperkirakan faktor apa saja yang memastikan seseorang akan terinfeksi. Penularan ini terjadi umumnya melalui droplet dan kontak dengan virus kemudian virus dapat masuk ke dalam mukosa yang terbuka. Pencegahan utama adalah membatasi mobilisasi orang yang berisiko hingga masa inkubasi. Pencegahan lain adalah meningkatkan daya tahan tubuh melalui asupan

makanan sehat, memperbanyak cuci tangan, menggunakan masker bila berada di daerah berisiko atau padat, melakukan olah raga, istirahat cukup serta makan makanan yang dimasak hingga matang dan bila sakit segera berobat ke RS rujukan untuk dievaluasi. Hingga saat ini tidak ada vaksinasi untuk pencegahan primer. Pencegahan sekunder adalah segera menghentikan proses pertumbuhan virus, sehingga pasien tidak lagi menjadi sumber infeksi. Upaya pencegahan yang penting termasuk berhenti merokok untuk mencegah kelainan parenkim paru

D. Hasil Studi pendahuluan

Berdasarkan studi pendahuluan, diperoleh gambaran bahwa sampai tanggal 21 Juli 2021, jumlah kasus Covid19 terkonfirmasi di Samarinda yang dilaporkan sebanyak 16.189 kasus dengan kematian kumulatif sebanyak 435 orang dengan peningkatan kasus perhari sebanyak 200 kasus(14). Peningkatan jumlah kasus sangat berbeda dibandingkan dengan periode yang sama pada tahun yang lalu dimana hanya terdapat rata rata 42 kasus harian. Laporan Balitbangkes Kementerian Kesehatan menyatakan telah terdapat 13 kasus dengan virus SARS Cov2 varian Delta(15).

E. Lokasi penelitian

Berdasarkan hasil studi pendahuluan, ketersediaan data hasil PCR di Laboratorium Mikrobiologi Fakultas Kedokteran Universitas Mulawarman, penelitian ini akan dilakukan kota Samarinda.

BAB III

METODE PENELITIAN

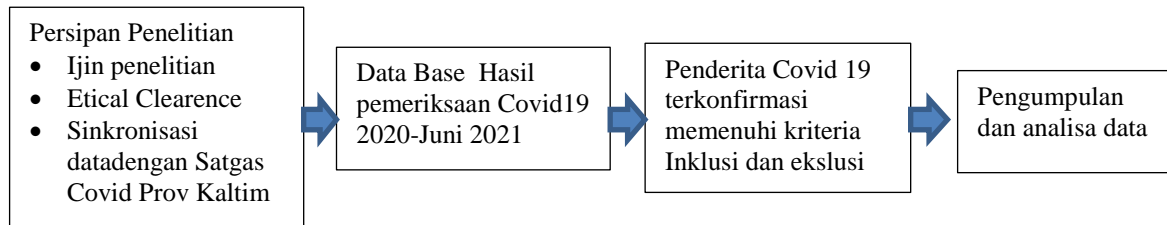
A. Jenis Penelitian

Penelitian ini merupakan studi analitik observasional yang menggunakan desain *cross sectional studi* dan dilakukan di Kota Samarinda. Populasi dalam penelitian ini adalah semua penderita covid19 yang tercatat di Laboratorium Mikrobiologi Fakultas Kedokteran Universitas Mulawarman Kalimantan Timur tahun 2020-2021. Populasi merupakan penderita covid19 yang tercatat di laporan Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Timur, dengan kriteria inklusi sebagai berikut: sampel adalah seluruh penderita covid19 yang berumur lebih dari 18 tahun tercatat di register Laboratorium Mikrobiologi Fakultas Kedokteran Universitas Mulawarman sejak Januari 2020 – Juni 2021; Penderita bertempat tinggal di wilayah Kota Samarinda tidak pindah ke daerah lain, dan tidak meninggal dunia sampai pada saat pengumpulan data di lapangan, keluarga penderita bersedia untuk menjadi responden dalam penelitian ini dan bersedia diwawancara.

Variabel terikat dalam penelitian ini adalah covid19, sedangkan variabel terikat terdiri dari umur, jenis kelamin, gejala klinis, merokok, golongan daerah, *cycle threshold* (CT), status imunisasi, sumber penularan dan gejala klinik penderita. Pada variabel berskala rasio/ interval akan dilakukan uji normalitas data univariat dan multivariat menggunakan perangkat SPSS.

Analisis data yang dilakukan berupa analisis univariat, analisis bivariat, dan analisis multivariat. Uji statistik yang digunakan untuk analisis bivariat adalah uji *korelasi (data rasio dan ordinal) dan asosiasi (data kategori)*. Selanjutnya, akan dilakukan perhitungan Odds Ratio untuk melihat resiko terkait penyakit Covid19. Analisis multivariat akan dilanjutkan jika terdapat hubungan bivaria antar variabel dan uji yang akan dilakukan menggunakan *regression analysis* yang akan disesuaikan dengan jenis skala data variabel. tingkat keyakinan yang digunakan pada penelitian ini adalah 95% dengan tingkat kesalahan 5%.

B. Bagan Alir Penelitian



Gambar 3. Bagan Alir Penelitian

C. Tahapan Penelitian

1. Pengkajian besaran masalah Covid 19(telah dilakukan)

Kementerian Kesehatan Republik Indonesia telah melakukan pengkajian tersebut yang didasarkan atas laporan Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Timur, dan Samarinda dinyatakan mengalami PPKM Level 4 dengan penyebaran komunitas. Laporan Balitbangkes Kementerian Kesehatan menyatakan telah terdapat 13 kasus dengan virus SARS Cov2 varian Delta.

2. Mengkaji sebab meningkatnya kasus Covid19

Dengan menganalisa aspek karakteristik dan penyebaran virus SARS Cov2

3. Pengurusan perijinan, penyusunan instrumen penelitian, uji coba instrumen penelitian

4. Pengumpulan data

5. Pengolahan dan Analisis Data

6. Penarikan kesimpulan dan Rekomendasi

7. Deseminasi hasil penelitian dengan para pemangku kebijakan kesehatan di Provinsi Kalimantan Timur

8. Publikasi hasil penelitian pada Jurnal Internasional bereputasi

9. Penyusunan program kesehatan untuk pencegahan Pandemi Covid19 berdasarkan temuan/hasil penelitian

10. Implementasi program

11. Evaluasi program

D. Luaran Penelitian

No	Jenis Luaran		Indikator Capaian		
			TS ¹⁾	TS+1	TS+2
1.	Artikel ilmiah dimuat di jurnal	Internasional bereputasi	Submitted		
		Nasional terakreditasi			
2.	Artikel ilmiah dimuat di prosiding	Internasional Terindeks			
		Nasional			
3.	Invited speaker dalam temu ilmiah	Internasional			
		Nasional			
4.	Visiting Lecturer	Internasional			
5.	Hak Kekayaan Intelektual (HKI)	Paten			
		Paten sederhana			
		Hak Cipta			
		Merek dagang			
		Rahasia dagang			
		Desain Produk Industri			
		Indikasi Geografis Terpadu			
		Perlindungan Varietas Tanaman			
		Perlindungan Topografi Sirkuit			
6.	Teknologi Tepat Guna				
7.	Model/Purwarupa/Desain/Karya seni/ Rekayasa Sosial				
8.	Buku Ajar (ISBN)				
9.	Tingkat Kesiapan Teknologi (TKT)	Level 2			

Gambar 4. Luaran Penelitian

BAB IV
BIAYA DAN JADWAL PENELITIAN

A. Anggaran Biaya Penelitian

No	Jenis pengeluaran	Biaya yang diusulkan
1.	Honorarium	Rp. 2.100.000,-
2.	Peralatan penunjang	Rp. 30.869.850,-
3.	Bahan ATK/Konsumsi	Rp. 1.530.150,-
5.	Lain-lain, adm, publikasi, seminar nasional, laporan, ethical clearance	Rp. 500.000,-
	Jumlah	Rp. 35.000.000,-

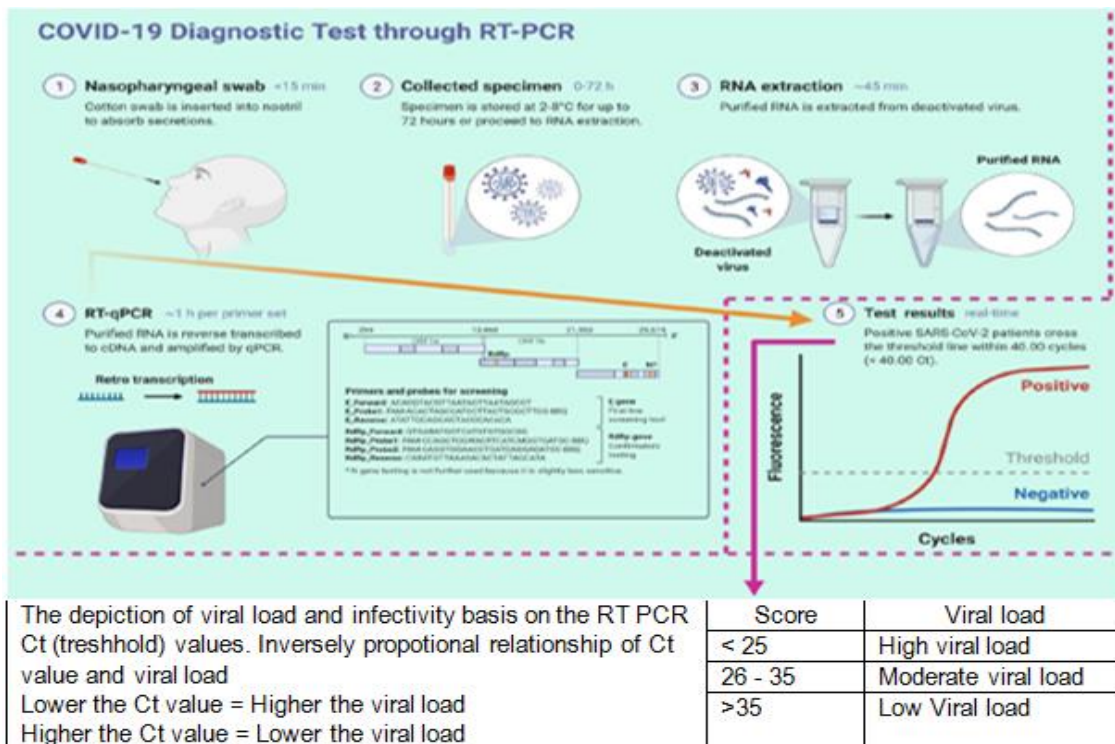
B. Jadwal Penelitian

No	Kegiatan	Bulan					
		7	8	9	10	11	12
1.	Membuat Proposal Penelitian	X					
2.	Mengajukan Ijin dan etical clearence		X				
3.	Melaksanakan Penelitan		X	X	X	X	
4.	Melakukan review data				X	X	
5.	Mengolah data				X	X	
6.	Menyusun draft laporan					X	X
7.	Menyusun draft manuskrip					X	X

BAB VI HASIL PENELITIAN

6.1 Gambaran Umum Lokasi dan Sampel Penelitian

Penelitian ini merupakan studi observasional cross sectional. Data pasien COVID-19 terkonfirmasi positif dengan PCR yang memeriksakan diri di Laboratorium Mikrobiologi Fakultas Kedokteran Universitas Mulawarman antara 12 Juli sampai 8 September 2021. Sebanyak 1366 sampel positif SARS Cov2 yang tersedia di Departemen Mikrobiologi Universitas Mulawarman yang memenuhi kriteria inklusi dianalisa. Tes PCR untuk SARS-CoV-2 mendeteksi sekuens target asam nukleat yang ditentukan, hasil positif dikaitkan dengan nilai ambang batas siklus (Ct): jumlah siklus PCR yang diperlukan untuk menghasilkan sinyal yang dapat dideteksi (Wishaupt et al., 2017). Kami menggunakan analisis metode gen ORF1ab dan RpDp untuk mengukur nilai CT. Ilustrasi metodologi RT-PCR dan deteksi sampel positif pada Gambar 5.



Gambar 5. Metodologi RT-PCR dan deteksi sampel positif dalam praktik klinis, menggunakan ambang batas dan nilai Ct tertentu. Angka tersebut dirancang oleh program Biorender.com (<https://biorender.com/>, diakses pada 20 Agustus 2021)(Rabaan et al., 2021)

6.2 Hasil Penelitian

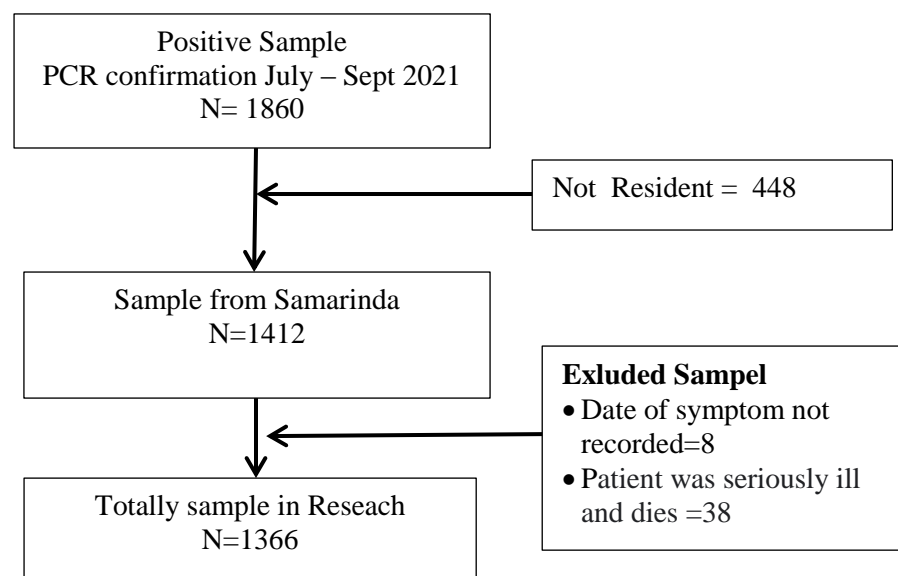
Penyakit Coronavirus-2019 (COVID 19) yang disebabkan oleh SARS-CoV-2 dapat menjadi risiko kesehatan global nyata yang dihadapi dunia sejak Desember 2019. Tingginya penularan virus SARS-CoV-2 telah menyebabkan pandemi COVID- 19 (Mishra et al., 2021). Indonesia melaporkan kasus terkonfirmasi pertama COVID-19 pada 30 Maret 2020 dan kasusnya naik secara bertahap, puncak tertinggi tercatat pada pertengahan Januari 2021 (Kementerian Kesehatan, 2021b). Proporsi positif tes secara nasional meningkat tajam pada Desember 2020 dan mencapai 28,8% pada akhir Januari 2021. Berdasarkan data Badan Nasional Penanggulangan Bencana (BNPB), jumlah pasien COVID-19 di Indonesia mencapai 4.208.013 per 27 September 2021 (Kementerian Kesehatan, 2021a). Wilayah Kalimantan terus mencatatkan insiden tertinggi per 100.000 penduduk sejak minggu pertama Agustus 2021. Provinsi Kalimantan Timur dan Utara menjadi penyumbang tertinggi angka kasus baru di wilayah ini selama dua bulan terakhir (Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Timur, 2021).

Elemen penting dari strategi semacam itu adalah deteksi cepat kasus baru melalui pengujian luas, dan isolasi atau karantina (Awang et al., 2021). Sebelum 10 Februari 2021, diagnosis SARS-CoV-2 dilakukan menggunakan polymerase chain reaction (PCR). Sejak tanggal ini, kasus yang dikonfirmasi termasuk mereka yang dites positif menggunakan tes amplifikasi asam nukleat (NAAT) dan tes diagnostik cepat pendeteksi antigen. RT-PCR waktu nyata dianggap sebagai tes konfirmasi standar emas untuk COVID-19. Nilai Cycle threshold (Ct) digunakan untuk mendiagnosis atau memprediksi infeksi SARS-CoV-2. Namun, identifikasi varian virus tidak dimaksudkan dengan kit PCR biasa.

Selama beberapa bulan terakhir, Indonesia telah menghadapi peningkatan pesat dalam kasus COVID-19 di banyak provinsi, yang mengarah pada peningkatan penyelidikan epidemiologi dan virologi. Jumlah variasi virus SARS-CoV-2 akan terus meningkat (Rabaan

et al., 2021). Utilitas klinis yang signifikan sebagai nilai Ct dapat dikorelasikan dengan viral load. Nilai Ct dalam memprediksi tingkat infektivitas dan keparahan penyakit pada pasien yang terinfeksi SARS CoV-2 tetapi saat ini tidak ada indikasi peningkatan keparahan infeksi terkait dengan varian baru (Aranha et al., 2021).

SARS CoV-2 dapat diisolasi dari nasofaring selama 14-21 hari rata-rata setelah timbulnya gejala penyakit. Laporan menyatakan bahwa puncak beban SARS-CoV-2 terlihat selama tujuh hari pertama infeksi virus dan penularan SARS-CoV-2 kemungkinan mereda setelah tujuh hari. Uji RT-PCR telah digunakan secara rutin sebagai uji simtomatik untuk mendeteksi asam nukleat SARS-CoV-2 pada sampel usap pernapasan dari tenggorokan, nasofaring, dan hidung orang yang diduga COVID-19 selama tahap akut penyakit (Aranha et al., 2021). Beberapa peneliti sekarang memeriksa viral load dalam berbagai jenis sampel dan menyelidiki hubungannya dengan hasil klinis dan jalur penularan virus. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mendeskripsikan dinamika viral load saluran pernapasan atas (URT) SARS-CoV-2 tingkat populasi dengan stratifikasi tingkat kepositifan Nilai PCR Ct sampel URT dari kasus COVID-19 berdasarkan gejala, dan untuk mengeksplorasi kegunaan nilai Ct di menentukan potensi penyebaran.



Gambar 6. Flowchart Sampel Penelitian

Berdasarkan gambar 1 dapatkan sampel penelitian yaitu sebanyak 1366 orang terdiri dari 829 laki-laki (60,7%) dan 537 perempuan (39,3%); 46 pasien dieksklusi dengan alasan tanggal gejala tidak tercatat dan pasien sakit parah dan meninggal.

Tabel 1. Karakteristik Sampel Penelitian

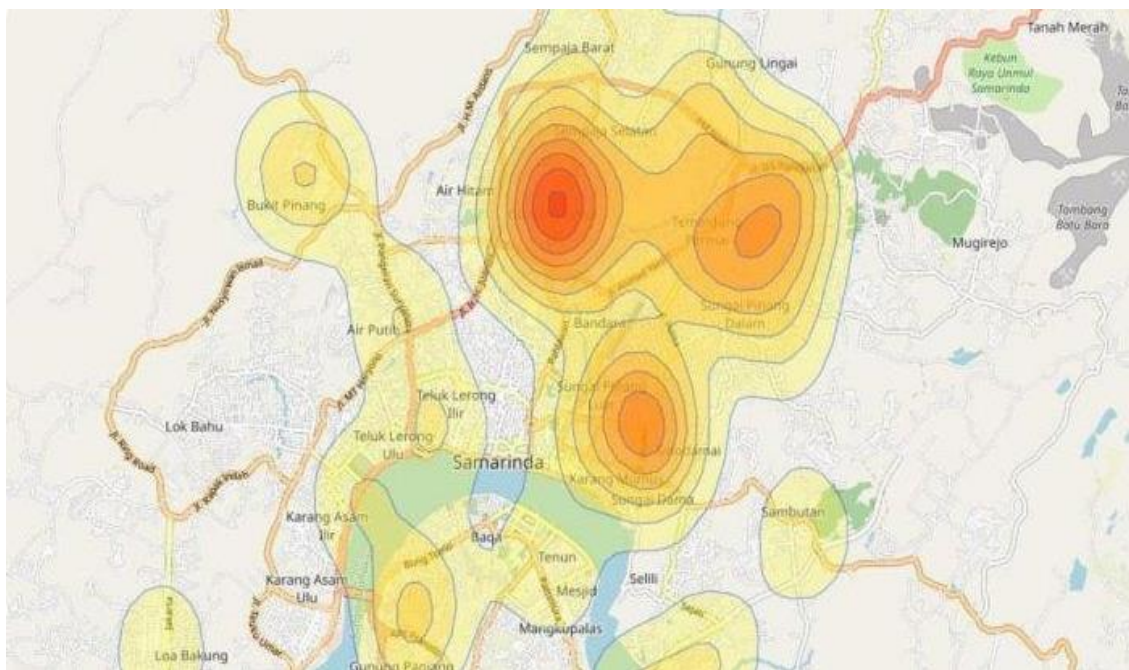
	Karakteristik	N=1366	%
Umur	18-29 tahun	328	24,0
	30-44 tahun	535	39,1
	45-60 tahun	402	29,4
	>60 tahun	101	7,5
Jenis Kelamin	Laki laki	829	60,7
	Perempuan	537	39,3
Keadaan Klinis	Ada Gejala	842	61,6
	Tidak ada Gejala	524	38,4
Nilai CT Value	< 25	718	52,6
	26-30	275	20,1
	31-40	373	27,3
CT Value < 25	Mean:18,59 (SD±3,93) min:9,19 max:24,94		
Sebaran Desa	Sungai Pinang	111	8,1
	Loa Bakung	109	8,0
	Sempaja Selatan	93	6,8
	Gunung Kelua	88	6,4
	Sempaja Timur	74	5,4
	Karang Asam Ulu	62	4,3
	Sidodadi	57	4,2
	Air Putih	55	4,1
	Harapan Baru	52	4,0
	Other Village	665	48,7

Dari tabel 1 di atas terlihat bahwa kelompok umur yang paling banyak menderita Covid 19 adalah umur 30-44 tahun sebesar 39,1%, rasio laki-laki: perempuan 1,54:1, simtomatik (61,6%) dengan nilai CT <25 (52,6%). Berdasarkan data desa, jumlah penderita COVID-19 terbanyak berasal dari desa Sungai Pinang (8,1%), desa Loa Bakung (8,0%) dan desa Sempaja Selatan (6,8%) dan desa Gunung Kelua (6,4%). Sebaran nilai Ct dibawah 25 menunjukkan rata-rata 18,6 (\pm 3,93), nilai Ct terendah 9,19 dan tertinggi 24,9

Tabel 2. Hubungan Nilai CT dengan Tingkat Sebaran Domisili Penderita Covid 19

Level	CT Value						<i>p-value</i>
	< 25	%	26-30	%	>30	%	
Merah	720	51,8	281	20,2	390	28,0	0.002
Kuning	212	43,7	98	20,2	175	36,1	
Total	932	49,7	279	20,2	565	30,1	

Tabel 2 menunjukkan bahwa terdapat hubungan antara nilai Ct dengan status Covid 19 wilayah tersebut. Pasien Covid 19 dengan CT rendah sebagian besar tinggal di daerah dengan kasus Covid 19 tinggi.



Gambar 7. Sebaran lokasi domisili desa penderita Covid 19

Studi ini juga menemukan proporsi nilai Ct < 25 tertinggi pada bulan Juli-awal Agustus di 4 wilayah di Kota Samarinda ketika varian Delta terdeteksi menyebar di Indonesia adalah desa Sungai Pinang (8,1%), desa Lea Bakung (8,0 %), Desa Sempaja Selatan (6,8%) dan Desa Gunung Kelua (6,4%). Proporsi viral load tinggi yang lebih tinggi dapat dikaitkan

dengan lonjakan kasus yang cepat. Sebuah studi baru-baru ini oleh Hay et al. telah menyarankan bahwa penurunan nilai ambang siklus median suatu populasi dapat mengindikasikan peningkatan penularan (Hay et al., 2021).

Deteksi varian SARS-CoV-2 telah menjadi tantangan kritis waktu bagi banyak laboratorium. Terutama dalam konteks klinis, identifikasi cepat varians baru sangat penting untuk manajemen pasien dalam pengendalian infeksi, tindakan pencegahan dan pelacakan kontak. Sebagian besar mutasi virus memiliki sedikit atau tidak berdampak sama sekali pada kemampuan virus untuk menyebabkan infeksi dan penyakit, tetapi tergantung di mana perubahan tersebut terletak pada materi genetik virus, virus dapat mempengaruhi penularan atau tingkat keparahannya (Wishaupt et al., 2017). Langkah-langkah saat ini untuk mengurangi penularan termasuk sering mencuci tangan, memakai masker, menjaga jarak fisik, ventilasi yang baik, dan menghindari tempat ramai atau pengaturan tertutup, terus bekerja melawan varian baru dengan mengurangi jumlah penularan virus dan karenanya juga mengurangi peluang virus untuk menyebar. bermutasi (Rabaan et al., 2021). Lewis et al telah menunjukkan bahwa viral load memuncak segera setelah timbulnya gejala, tingkat kepositifan sampel tertinggi selama periode infeksi simtomatik (hari 0-10) (Fox-Lewis et al., 2021). Beberapa peneliti sekarang memeriksa viral load dalam berbagai jenis sampel dan menyelidiki hubungannya dengan hasil klinis dan rute penularan virus (Hay et al., 2021).

Penelitian ini belum menemukan varian SARS Cov2 selain varian yang terdeteksi melalui PCR. Meskipun beberapa data klinik seperti gejala klinis dan CT value yang rendah dengan persebaran yang sangat cepat ditemukan di beberapa Kecamatan. Deteksi model seperti ini sebaiknya dilakukan secara komprehensif dengan mengambil seluruh sampel diunit keluarga sehingga peluang menemukan varian baru lebih besar meskipun secara teoritis varian baru umumnya akan mendominasi persebaran virus dilokasi tersebut. Penelitian ini memiliki beberapa keterbatasan. Pertama, data hanya dari satu laboratorium

tidak menggambarkan penyebaran COVID-19 di wilayah yang luas. Kedua, meskipun telah terjadi penularan keluarga, namun belum tersedia data seberapa besar angka penularan keluarga, sehingga peneliti tidak mengetahui seberapa besar kecepatan penularan pada kelompok pasien Covid yang memiliki CT <25.

BAB VII

KESIMPULAN DAN SARAN

7.1 Kesimpulan

Nilai Proporsi CT < 25 = 52,5%, nilai Ct 26 – 30 = 20,1% dan nilai Ct 31-40 = 27,3%. Kami menemukan bahwa proporsi nilai Ct <25 tertinggi pada bulan Juli-awal Agustus di 4 wilayah kotamadya Samarinda ketika varian Delta terdeteksi menyebar di Indonesia. Untuk memperhitungkan meningkatnya prevalensi varietas baru, pengendalian penyakit seperti pengujian populasi, karantina selama infeksi pra-gejala, dan surveilans genom virus harus ditingkatkan.

7.2 Saran Saran

1. Perlu dilakukan pengambilan sample dan analisa rutin tentang karakteristik virus terutama pada daerah yang tinggi prevalensi dan cepat penularannya
2. Perlu dilakukan analisa genome untuk mengetahui penyebaran varian baru secara lebih akurat

UCAPAN TERIMAKASIH

Para peneliti mengucapkan terima kasih kepada Islamic Development Bank 4 in 1 Unit pelaksana proyek Universitas Mulawarman yang telah mendanai penelitian pada tahun 2021. Terima kasih juga kepada Dekan Fakultas Kedokteran Universitas Mulawarman atas dukungannya selama ini.

REFERENCES

- Aranha, C., Patel, V., Bhor, V., & Gogoi, D. (2021). Cycle threshold values in RT-PCR to determine dynamics of SARS-CoV-2 viral load: An approach to reduce the isolation period for COVID-19 patients. *Journal of Medical Virology*, *June*, 1–4. <https://doi.org/10.1002/jmv.27206>
- Awang, H., Yaacob, E. L., Syed Aluawi, S. N., Mahmood, M. F., Hamzah, F. H., Wahab, A., Rashid, N. A., Razali, R., Soo Ning, G., Embong, K., & Yunus, N. A. (2021). A case–control study of determinants for COVID-19 infection based on contact tracing in Dungun district, Terengganu state of Malaysia. *Infectious Diseases*, *53*(3), 222–225. <https://doi.org/10.1080/23744235.2020.1857829>
- Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Timur. (2021). *Data Covid 19 di Provinsi Kalimantan TImur*. <https://covid19.kaltimprov.go.id/press-release>
- Fox-Lewis, A., Fox-Lewis, S., Beaumont, J., Drinković, D., Harrower, J., Howe, K., Jackson, C., Rahnama, F., Shilton, B., Qiao, H., Smith, K. K., Morpeth, S. C., Taylor, S., Blakiston, M., Roberts, S., & McAuliffe, G. (2021). SARS-CoV-2 viral load dynamics and real-time RT-PCR cycle threshold interpretation in symptomatic non-hospitalised individuals in New Zealand: a multicentre cross sectional observational study. *Pathology*, *53*(4), 530–535. <https://doi.org/10.1016/j.pathol.2021.01.007>
- Hay, J. A., Kennedy-Shaffer, L., Kanjilal, S., Lennon, N. J., Gabriel, S. B., Lipsitch, M., & Mina, M. J. (2021). Estimating epidemiologic dynamics from cross-sectional viral load distributions. *Science*, *373*(6552). <https://doi.org/10.1126/science.abh0635>
- Kementerian Kesehatan. (2021a). Covid Situation in Indonesia. *Infection Emerging*. <https://covid19.kemkes.go.id/>
- Kementerian Kesehatan. (2021b). *Peta Sebaran Covid 19 di Indonesia*. <https://covid19.go.id/peta-sebaran>
- Mishra, B., Ranjan, J., Purushotham, P., Saha, S., Payal, P., Kar, P., Das, S., & Deshmukh, V. (2021). High proportion of low cycle threshold value as an early indicator of COVID-19 surge. *Journal of Medical Virology*. <https://doi.org/10.1002/jmv.27307>
- Rabaan, A. A., Tirupathi, R., Sule, A. A., Aldali, J., Mutair, A. Al, Alhumaid, S., Muzaaheed, Gupta, N., Koritala, T., Adhikari, R., Bilal, M., Dhawan, M., Tiwari, R., Mitra, S., Emran, T. Bin, & Dhama, K. (2021). Viral dynamics and real-time rt-pcr ct values correlation with disease severity in covid-19. *Diagnostics*, *11*(6). <https://doi.org/10.3390/diagnostics11061091>
- Wishaupt, J. O., Ploeg, T. van der, Smeets, L. C., Groot, R. de, Versteegh, F. G. A., & Hartwig, N. G. (2017). Pitfalls in interpretation of CT-values of RT-PCR in children with acute respiratory tract infections. *Journal of Clinical Virology*, *90*, 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2017.02.010>

Analysis of Covid 19 Variants in Samarinda City

Rahmat Bakhtiar^{1*}, Yadi², Natanael Tandirogang²

¹Department of Community Medicine Faculty of Medicine, Mulawarman University

²Department of Microbiology Faculty of Medicine, Mulawarman University

Corresponding Author*: r.bakhtiar@fk.unmul.ac.id

Abstract

Emerging variations not only enhance transmissibility, morbidity, and death, but they can also avoid detection by existing or currently accessible diagnostic tools, delaying diagnosis and treatment. This study aims to predict the presence of new variants based on Ct values in an area. We analyzed the 2018 SARS Cov2 positive samples available at Department of Microbiology Mulawarman University from July 2021 until September 2021. We use ORF1ab and RpDp gene method analysis to measure Ct value. Proportion CT value < 25 = 52,5%, Ct value 26 – 30 = 20,1% and Ct value 31-40 = 27,3%. We found that the proportion of Ct value <25 was highest in July-early August when the delta variant spread at 4 areas. In order to account for the rising prevalence of the new variety, disease control such as population testing, quarantine during pre-symptomatic infection, and virus genomic surveillance should be increase.

Keywords: SARS Cov2 ,CT value, Variant

1. Introduction

Coronavirus disease-2019 (COVID 19) caused by SARS-CoV-2 may be a genuine global health risk that the world is confronting since December 2019. The high transmissibility of the SARS-CoV-2 virus has led to the pandemic of COVID-19(Mishra et al., 2021). Indonesia reported the first confirmed case of COVID-19 on March 30, 2020 and the case rose gradually, the highest peak was recorded in the middle of January 2021(Kementerian Kesehatan, 2021b). Nationwide test positivity proportion increased sharply in December 2020 and reached 28.8% in late January 2021. Based on data from the National Disaster Management Agency (BNPB), the number of COVID-19 patients in Indonesia reached 4,208,013 per 27 September 2021(Kementerian Kesehatan, 2021a). The region of Kalimantan has continued to record the highest incidence per 100. 000 population since the first week of August 2021. East and North Kalimantan provinces mainly contributed to the

high number of new cases in this region over the past two months(Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Timur, 2021).

An essential element of such a strategy is rapid detection of new cases through widespread testing, and isolation or quarantine(Awang et al., 2021). Prior to 10 February 2021, SARS-CoV-2 diagnosis was conducted using polymerase chain reaction (PCR). Since this date, confirmed cases include those who tested positive using nucleic acid amplification test (NAAT) and antigen-detecting rapid diagnostic test. Real-time RT-PCR is considered the gold standard confirmatory test for COVID-19. Cycle threshold (Ct) values are being utilized to diagnose or predict SARS-CoV-2 infection. However, identification of viral variants is not intended with regular PCR kits.

Over the last few months, the Indonesia has faced a rapid increase in COVID-19 cases in many province, leading to enhanced epidemiological and virological investigations. The number of variations of the SARS-CoV-2 virus will continue to rise(Rabaan et al., 2021). The significant clinical utility as Ct values can be correlated with the viral load. Ct values in predicting the level of infectivity and disease severity in patients infected with SARS CoV-2 but there is no indication at this point of increased infection severity associated with the new variant(Aranha et al., 2021).

SARS CoV-2 can be isolated from the nasopharynx for 14–21 median days after onset of symptomatic disease. Reports state that the peak SARS-CoV-2 load is seen during the first seven days of viral infection and transmission of SARS-CoV-2 likely subsides after seven days. RT-PCR test has been routinely utilized as the symptomatic test to detect SARS-CoV-2 nucleic acids in respiratory example swabs from throat, nasopharynx, and nose of people suspected of COVID-19 during the acute stage of disease(Aranha et al., 2021). Several researchers are now examining viral load in various types of samples and investigating its link with clinical outcomes and viral transmission routes. The aim of this study was to describe population level SARS-CoV-2 upper respiratory tract (URT) viral load dynamics by stratifying positivity rates PCR Ct values of URT samples from COVID-19 cases by symptom, and to explore utility of Ct values in determining potential spreading.

2. Methodology

We conducted a cross sectional observational study of microbiology laboratory data for PCR-confirmed COVID-19 cases within Samarinda Municipality, between 12 July and 8 September 2021. We analyzed the 1366 SARS Cov2 positive samples available at Department of Microbiology Mulawarman University. PCR test for SARS-CoV-2 detects the specified nucleic acid target sequences, a positive result is associated with a cycle threshold (Ct) value: the number of PCR cycles needed to produce a detectable signal(Wishaupt et al., 2017). We use ORF1ab and RpDp gene method analysis to measure CT value. Illustration of RT-PCR methodology and the detection of a positive sample in Figure 1.

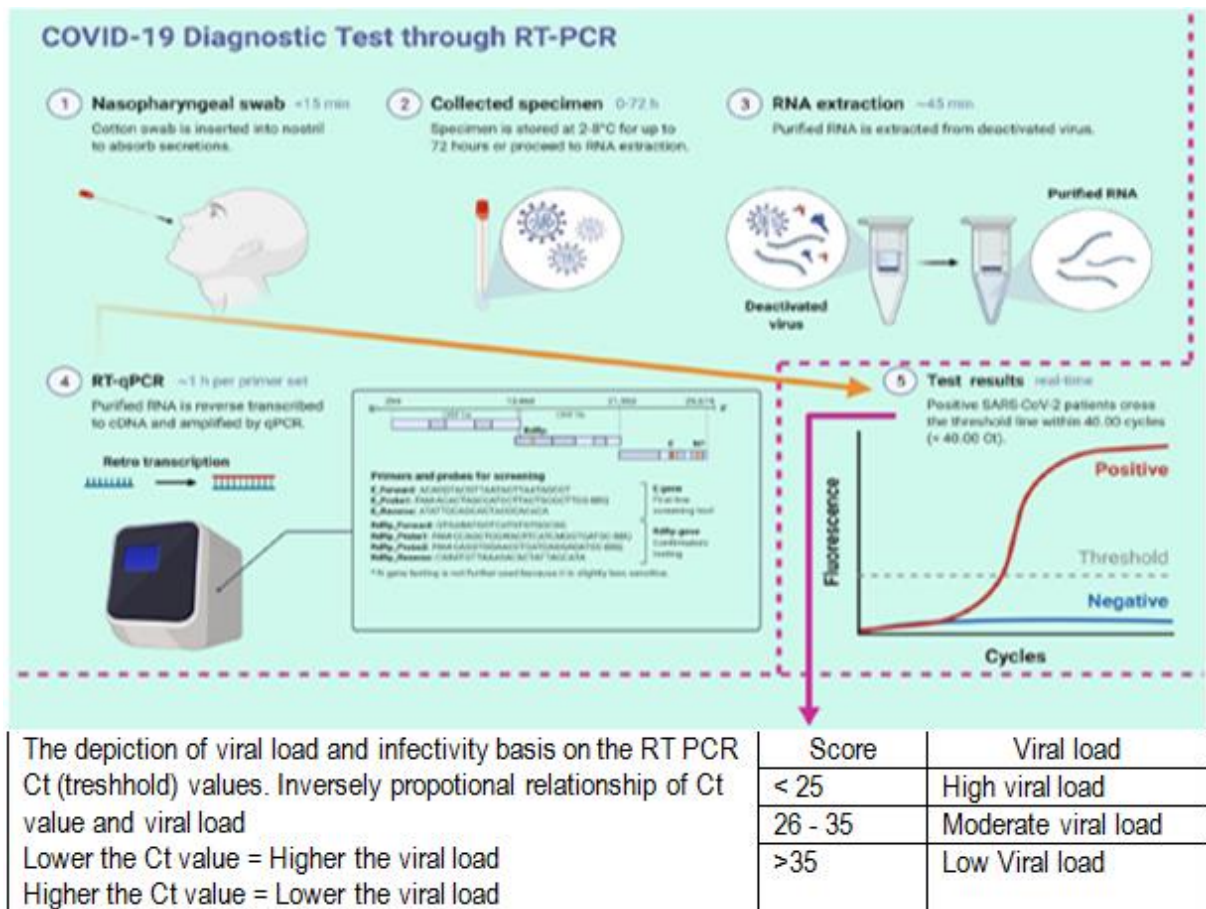
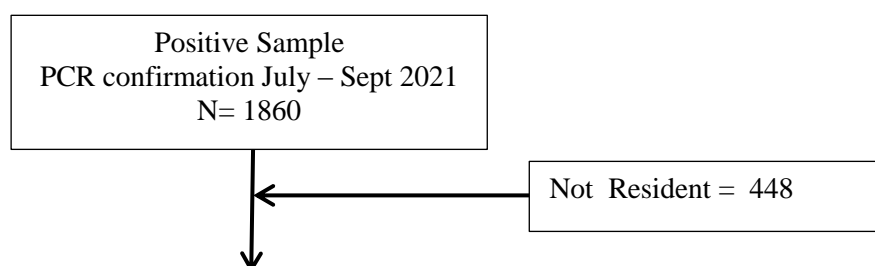


Figure 1. Illustration of RT-PCR methodology and the detection of a positive sample in clinical practice, using a specific threshold and Ct value. The figure was designed by Biorender.com program (<https://biorender.com/>, accessed on 20 August 2021)(Rabaan et al., 2021).

Data was analysed with SPSS version 21.0. The descriptive statistics was used to describe the variables in frequency, percentage mean and standard deviation as appropriate. Pearson Chi-square was used to test associations between Ct value and level of Covid 19 residential. A p-value of <0.05 was considered as significant.

3. Results and Discussion



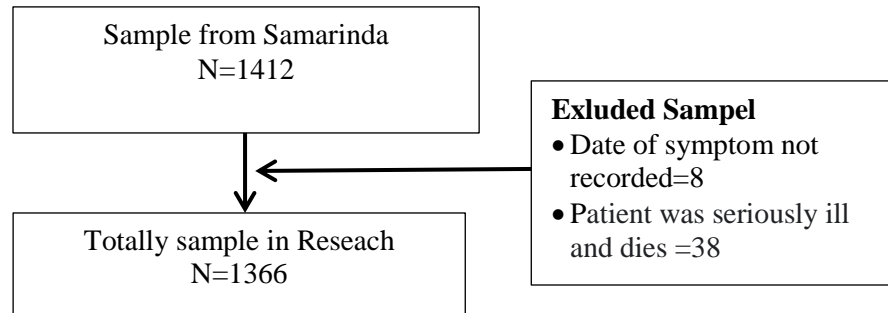


Figure 1 Flowchart sample

The final sample consisted of 1366 participants, 829 men (60.7%) and 537 women (39,3%); 46 patients were discarded because date of symptom not recorded and patient was seriously ill and dies.

Table 1. Characteristic sample

	Characteristic	N=1366	%
Age	18-29 year old	328	24,0
	30-44 year old	535	39,1
	45-60 year old	402	29,4
	>60 year old	101	7,5
Sex	Men	829	60,7
	Women	537	39,3
Clinical findings	Symptomatic	842	61,6
	Asymptomatic	524	38,4
Ct Values	< 25	718	52,6
	26-30	275	20,1
	31-40	373	27,3
CT Value < 25	Mean:18,59 (SD±3,93) min:9,19 max:24,94		
Village	Sungai Pinang	111	8,1
	Loa Bakung	109	8,0
	Sempaja Selatan	93	6,8
	Gunung Kelua	88	6,4
	Sempaja Timur	74	5,4
	Karang Asam Ulu	62	4,3
	Sidodadi	57	4,2
	Air Putih	55	4,1
	Harapan Baru	52	4,0
	Other Village	665	48,7

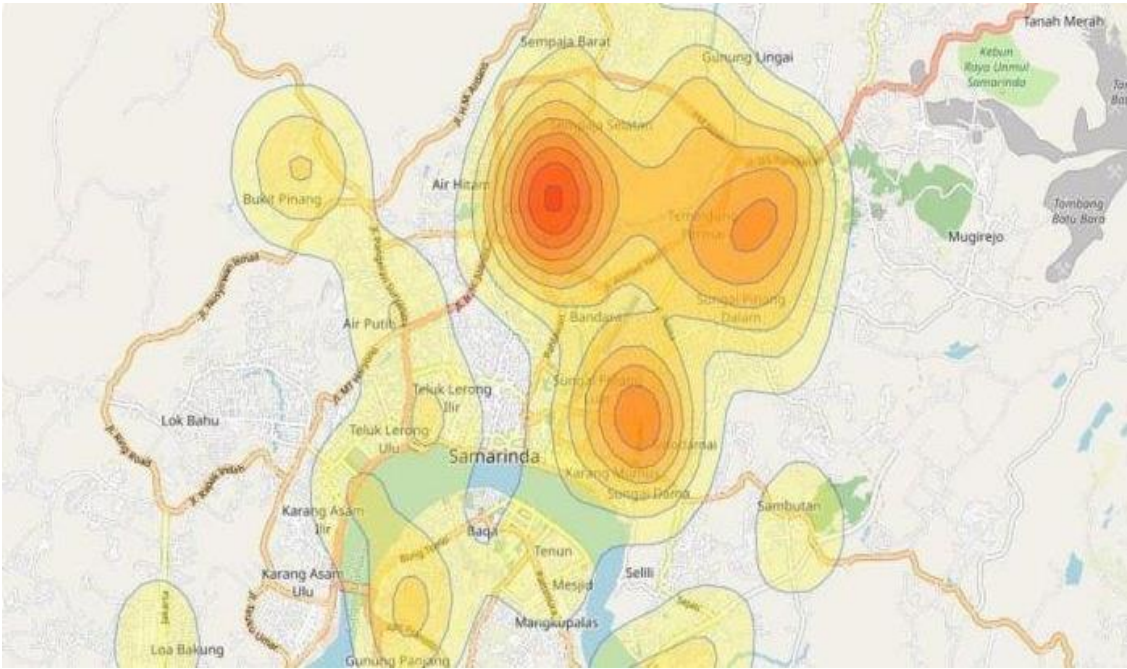
From table 1 above, it can be seen that the age group that suffers the most from Covid 19 is aged 30-44 years at 39.1%, ratio male: female 1,54:1, symptomatic (61.6%) with CT

value <25 (52.6 %). The data shows by villages that the highest number of COVID-19 patients comes from Sungai Pinang village (8.1%), Loa Bakung village (8.0%) and Sempaja Selatan village (6.8%) and Gunung Kelua village (6.4%). The distribution of Ct value below than 25 indicates that mean was 18,6 (\pm 3,93), the lowest Ct value is 9,19 while the highest is 24,9.

Table 2. Association between CT-value and the Level of residence (village) for Covid 19

Level of residence	CT Value						p-value
	< 25	%	26-30	%	>30	%	
Red	720	51,8	281	20,2	390	28,0	0.002
Yellow	212	43,7	98	20,2	175	36,1	
Total	932	49,7	279	20,2	565	30,1	

Table 2 indicate that there is a relationship between the Ct value and the Covid 19 status of the area. Covid 19 patients with low CT mostly live in areas with high Covid 19 cases.



Picture 2. The Level of residence (village) for Covid 19

Our study found the proportion of Ct value < 25 was highest in July-early August in 4 areas at Samarinda municipality when the Delta variant is detected spreading in Indonesia are Sungai Pinang village (8,1%), Loa Bakung village (8,0%), Sempaja Selatan village (6,8%) and Gunung Kelua village (6,4%). The higher proportion of high viral load could have been

attributed to the rapid surge of cases. A recent study by Hay et al. has suggested that a decrease in the median cycle threshold value of a population may indicate increased transmission(Hay et al., 2021).

Detection of SARS-CoV-2 variants has become a time critical challenge for many laboratories. Especially in clinical contexts, fast identification of new variance is crucial for patient management in infection control, prevention measures and contact tracing. Most viral mutations have little to no impact on the virus's ability to cause infections and disease but depending on where the changes are located in the virus's genetic material, The viruses may affect to transmission or severity(Wishaupt et al., 2017). Current measures to reduce transmission including frequent hand washing, wearing a mask, physical distancing, good ventilation, and avoiding crowded places or closed settings, continue to work against new variants by reducing the amount of viral transmission and therefore also reducing opportunities for the virus to mutate(Rabaan et al., 2021). Lewis et al has shown that viral load peaks shortly after symptom onset, sample positivity rate is highest during the symptomatic infectious period (days 0–10)(Fox-Lewis et al., 2021). Several researchers are now examining viral load in various types of samples and investigating its link with clinical outcomes and viral transmission routes(Hay et al., 2021).

This study has some limitations. First, data only from one laboratory does not describe the spread of COVID-19 in a wide area. Second, although there has been family transmission, no data is available on how large the family transmission rate is, so researchers do not know how much transmission speed is in the group of Covid patients who have a CT <25.

4. Conclusion

Proportion CT value < 25 = 52,5%, Ct value 26 – 30 = 20,1% and Ct value 31-40 = 27,3%. We found that the proportion of Ct value <25 was highest in July-early August in 4 areas at Samarinda municipality when the Delta variant is detected spreading in Indonesia. In order to account for the rising prevalence of the new variety, disease control such as population testing, quarantine during pre-symptomatic infection, and virus genomic surveillance should be increase.

ACKNOWLEDGEMENT

The authors are thankful to the Islamic Development Bank 4 in 1 project implementation Unit Mulawarman University for funding research in 2021. We also thank the Dean, Faculty of Medicine Mulawarman University for her continued support.

REFERENCES

- Aranha, C., Patel, V., Bhor, V., & Gogoi, D. (2021). Cycle threshold values in RT-PCR to determine dynamics of SARS-CoV-2 viral load: An approach to reduce the isolation period for COVID-19 patients. *Journal of Medical Virology*, *June*, 1–4. <https://doi.org/10.1002/jmv.27206>
- Awang, H., Yaacob, E. L., Syed Aluawi, S. N., Mahmood, M. F., Hamzah, F. H., Wahab, A., Rashid, N. A., Razali, R., Soo Ning, G., Embong, K., & Yunus, N. A. (2021). A case-control study of determinants for COVID-19 infection based on contact tracing in Dungun district, Terengganu state of Malaysia. *Infectious Diseases*, *53*(3), 222–225. <https://doi.org/10.1080/23744235.2020.1857829>
- Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Timur. (2021). *Data Covid 19 di Provinsi Kalimantan Timur*. <https://covid19.kaltimprov.go.id/press-release>
- Fox-Lewis, A., Fox-Lewis, S., Beaumont, J., Drinković, D., Harrower, J., Howe, K., Jackson, C., Rahnama, F., Shilton, B., Qiao, H., Smith, K. K., Morpeth, S. C., Taylor, S., Blakiston, M., Roberts, S., & McAuliffe, G. (2021). SARS-CoV-2 viral load dynamics and real-time RT-PCR cycle threshold interpretation in symptomatic non-hospitalised individuals in New Zealand: a multicentre cross sectional observational study. *Pathology*, *53*(4), 530–535. <https://doi.org/10.1016/j.pathol.2021.01.007>
- Hay, J. A., Kennedy-Shaffer, L., Kanjilal, S., Lennon, N. J., Gabriel, S. B., Lipsitch, M., & Mina, M. J. (2021). Estimating epidemiologic dynamics from cross-sectional viral load distributions. *Science*, *373*(6552). <https://doi.org/10.1126/science.abh0635>
- Kementerian Kesehatan. (2021a). Covid Situation in Indonesia. *Infection Emerging*. <https://covid19.kemkes.go.id/>
- Kementerian Kesehatan. (2021b). *Peta Sebaran Covid 19 di Indonesia*. <https://covid19.go.id/peta-sebaran>
- Mishra, B., Ranjan, J., Purushotham, P., Saha, S., Payal, P., Kar, P., Das, S., & Deshmukh, V. (2021). High proportion of low cycle threshold value as an early indicator of COVID-19 surge. *Journal of Medical Virology*. <https://doi.org/10.1002/jmv.27307>
- Rabaan, A. A., Tirupathi, R., Sule, A. A., Aldali, J., Mutair, A. Al, Alhumaid, S., Muzahed, Gupta, N., Koritala, T., Adhikari, R., Bilal, M., Dhawan, M., Tiwari, R., Mitra, S., Emran, T. Bin, & Dhama, K. (2021). Viral dynamics and real-time rt-pcr ct values correlation with disease severity in covid-19. *Diagnostics*, *11*(6). <https://doi.org/10.3390/diagnostics11061091>
- Wishaupt, J. O., Ploeg, T. van der, Smeets, L. C., Groot, R. de, Versteegh, F. G. A., & Hartwig, N. G. (2017). Pitfalls in interpretation of CT-values of RT-PCR in children with acute respiratory tract infections. *Journal of Clinical Virology*, *90*, 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2017.02.010>

