

Pengembangan In-House Software untuk Menghitung TIAC pada Radioterapi Molekuler Menggunakan Pemodelan Physiologically-Based Pharmacokinetic (PBPK) = Development of In-House Software for Calculating TIAC in Molecular Radiotherapy Using Physiologically-Based Pharmacokinetics(PBPK) Modeling Method

Farah Fauziah Arditami, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20527666&lokasi=lokal>

Abstrak

Di Indonesia, praktik radioterapi molekuler masih dilakukan dengan metode fixed dose. Sementara penelitian menyatakan bahwa metode fixed dose memiliki tingkat error yang besar. Salah satu pemodelan yang dapat diandalkan untuk melakukan simulasi, fitting, dan menganalisis perbedaan kondisi fisiologis dan biodistribusi pada setiap individu pasien berdasarkan data pra-klinis pada Peptide-Receptor Radionuclide Therapy (PRRT) adalah pemodelan Physiologically-Based Pharmacokinetics (PBPK). Dalam penelitian ini dilakukan pengembangan sebuah in-house software berbasis General User Interface (GUI) untuk dapat mengaplikasikan pemodelan PBPK dalam proses dosimetri pada PRRT menggunakan perangkat lunak MATLAB r2018b beserta aplikasi bawaannya, yaitu Simbiology dan App Designer. Penulis menggunakan data sekunder dan data pasien virtual yang didapatkan dengan menambahkan error sebesar 1%, 2%, dan 3% terhadap data sekunder secara acak. Metode estimasi yang digunakan dalam pengembangan in-house software ini adalah non-linear fit (nlinfit) dengan error model proportional karena memiliki persentase deviasi relatif (%RD) dan persentase Coefficient of Variation (%CV) yang paling baik. Secara kualitatif, In-house software yang dikembangkan menghasilkan grafik Area Under the Curve (AUC) yang saling berhimpit dengan literatur serta grafik hasil fitting yang baik, sementara secara kuantitatif menghasilkan nilai AUC dan Time-Integrated Activity Coefficient (TIAC) dengan rata-rata %RD di bawah 10% dan %CV di bawah 50%. Nilai %RD didapatkan dengan membandingkan nilai perhitungan AUC dan estimated parameters antara hasil dari in-house software dengan literatur. Dari hasil tersebut, in-house software berbasis GUI yang dibangun dalam penelitian ini telah berhasil dalam melakukan simulasi, fitting, menghitung besar nilai AUC serta nilai TIAC secara akurat pada PRRT dengan menggunakan pemodelan PBPK.

.....In Indonesia, the practice of molecular radiotherapy is still carried out using the fixed-dose method. Meanwhile, research states that the fixed-dose method has a large error rate. One of the reliable models for simulating, fitting, and analyzing differences in physiological conditions and biodistribution in each individual patient based on pre-clinical data on Peptide-Receptor Radionuclide Therapy (PRRT) is Physiologically-Based Pharmacokinetics (PBPK) modeling. In this research, an in-house software based on General User Interface (GUI) was developed to be able to apply PBPK modeling in the dosimetry process on PRRT using the MATLAB r2018b software and its default applications, namely Simbiology and App Designer. The author uses secondary data and virtual patient data obtained by adding errors of 1%, 2%, and 3% to the secondary data randomly. The estimation method used in the development of this in-house software is non-linear fit (nlinfit) with proportional model error because it has the best percentage of relative deviation (%RD) and percentage of Coefficient of Variation (%CV). Qualitatively, the developed In-house software produces an Area Under the Curve (AUC) graph that coincides with the literature as well as a good

fit graph, while quantitatively it produces AUC and Time-Integrated Activity Coefficient (TIAC) values with an average of % RD below 10% and CV below 50%. The %RD value is obtained by comparing the calculated AUC and estimated parameters between the results from the in-house software and the literature. From these results, the GUI-based in-house software built in this study has succeeded in performing simulations, fittings, calculating the AUC value and TIAC value accurately on PRRT using PBPK modeling.