



15 Jam Lalu

Genomic Surveillance: Pengawasan Terhadap Mutasi Gen dan Dukungan Lingkungan dalam

Komentar

Tinggalkan Balasan

Alamat surel Anda tidak akan dipublikasikan. Ruas yang wajib diisi *

Genomic Surveillance: Pengawasan Terhadap Mutasi Gen dan Dukungan Lingkungan dalam Pencegahan Penyebaran COVID-19 di Indonesia

Administrator - Featured - 106 Views



Genomic Surveillance: Pengawasan Terhadap Mutasi Gen dan Dukungan Lingkungan dalam Pencegahan Penyebaran COVID-19 di Indonesia

oleh

Mudyawati Kamaruddin*

*Dosen Program Master Ilmu Laboratorium Klinis Universitas Muhammadiyah Semarang

Sejak pertama kali dilaporkan pada tanggal 2 Maret 2020, *Corona Virus Disease 2019* (CoViD-19) di Indonesia dengan jumlah kasus sebanyak 2 pasien hingga sekarang kasus yang terkonfirmasi terus meningkat, data per 23 Januari 2023 menunjukkan total kasus terkonfirmasi sebanyak 6.728.184 dengan 119 kasus baru CoViD-19. Jumlah kasus terkonfirmasi CoViD-19 kemungkinan akan terus bertambah. Untuk itu, pengawasan terhadap mutasi gen tetap dilakukan oleh para peneliti bekerjasama dengan pemerintah dan masyarakat dalam usaha pencegahan penyebaran CoViD-19. Salah satu penelitian yang telah dilakukan oleh Tim Kami adalah pengamatan pada pola mutasi virus SARS-CoV-2 (merupakan jenis virus penyebab CoViD-19 saat ini) melalui karakterisasi sekuens genom virus SARS-CoV-2 tersebut, di dua wilayah yaitu Manokwari Papua Barat sebagai perwakilan Indonesia bagian Timur dan Semarang Jawa Tengah adalah perwakilan Indonesia bagian Barat. Penelitian yang dilakukan ini sebagai implementasi program *genomic surveillance* di Indonesia, yaitu pengawasan terhadap genom yang mengakibatkan munculnya varian baru CoViD-19 di Indonesia. *Genomic surveillance* akan menjadi suatu standar baru yang signifikan untuk tujuan analisa, kewaspadaan dan pengendalian patogen.

Diperoleh data *whole genome Sequencing* Indonesia tanggal 13 Juni 2021, dari 1.908 sekuen dilaporkan bahwa virus SARS-CoV-2 varian baru di Indonesia berupa *Varian of Concern* (VoC) dan *Varian of Interest* (VoI). Untuk VoC sendiri terdiri dari Alpha sebanyak 35 kasus, Beta sebanyak 5 kasus, dan Delta sebanyak 50 kasus. Sedangkan untuk VoI terdiri dari A.23.1 sebanyak 6 kasus, Eta sebanyak 4 kasus, dan B.1.617.3 sebanyak 1 kasus. Sementara itu Data *whole genome Sequencing* tanggal 17 November 2021 meningkat menjadi 8.856 sekuen dengan peningkatan yang tinggi dari VoC, peningkatan sendiri terjadi pada Alpha sebanyak 77 kasus, Beta sebanyak 22 kasus, dan Delta sebanyak 4.977 kasus. Berdasarkan data WGS tersebut, jumlah sekuen SARS-CoV-2 hingga bulan November 2021 masih sangat sedikit berkisar 0.2% dibanding dengan jumlah

pasien yang terkonfirmasi COVID-19. Hal ini menunjukkan, masih minim penelitian atau pelaporan hasil penelitian terkait *genome sequencing* dari data genom di Indonesia. Jika semakin banyak sekuensing genom SARS-CoV-2 yang dilakukan, maka akan lebih banyak varian-varian yang terkonfirmasi.

Berdasarkan penetapan tingkatan varian oleh *The World Health Organization SARS-CoV-2 Evolution Working Group* terdapat tiga tingkatan varian:

1. VOI adalah SARS-CoV-2 yang terbukti mengalami perubahan sifat fenotipe sebagai akibat mutasi dan teridentifikasi terjadi penyebaran dalam suatu komunitas atau terdeteksi di beberapa Negara;
2. VOC merupakan varian yang berhubungan dengan peningkatan penyebaran dan perubahan epidemiologi yang mengarah pada peningkatan virulensi atau perubahan manifestasi klinis, penurunan efektifitas metode diagnosis, vaksin, dan terapi yang digunakan.
3. *Variant of High Consequence* (VOHC) adalah suatu jenis varian VOC yang berdampak pada perubahan pencegahan atau menurunnya efektifitas intervensi medis yang secara signifikan (*medical countermeasure*) secara relatif jika dibandingkan dengan varian sebelumnya beredar.

Diketahui bahwa genom dengan varian baru muncul terjadi saat virus bergerak melintasi kondisi lingkungan yang beragam. Indonesia merupakan Negara kepulauan dengan variasi budaya dan lingkungan yang cukup tinggi, akan sangat memungkinkan munculnya varian virus SARS-CoV-2 yang terbaru dan lebih bersifat virulensi. Tentu, program *genomic surveillance* ini sangat penting dan urgent diaplikasikan di Indonesia.

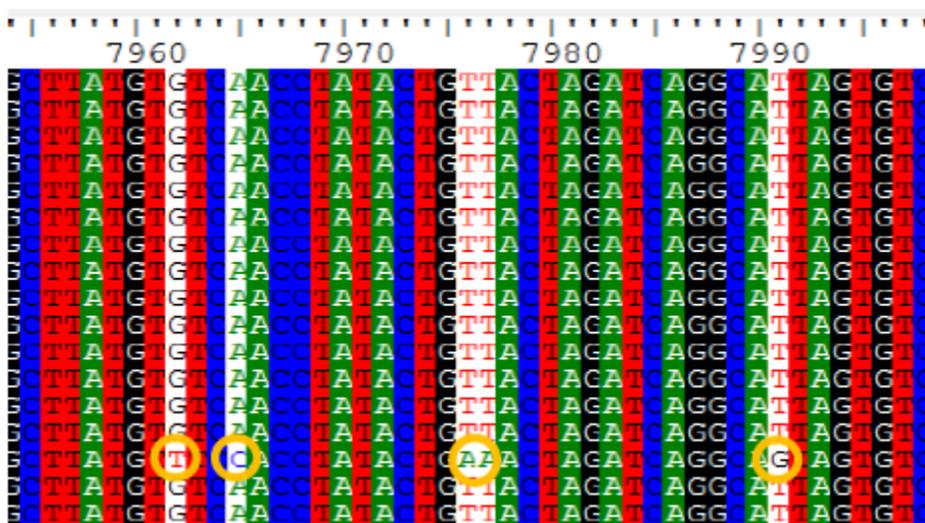
Penelitian eksplorasi pada sekuen genom virus SARS-CoV-2 strain Manokwari Papua Bara, dengan pengambilan sampel penelitian terpusat di Rumah Sakit Umum Daerah Provinsi Papua Barat. Sedangkan genom SARS-CoV-2 dari Semarang, Jawa Tengah berpusat pada RSUD K.M.R.T Wongsonegoro Kota Semarang dengan kriteria sampel positif SARS-CoV-2 sudah divaksin dan belum divaksin SARS-CoV-2 tetapi terinfeksi COVID-19 dan nilai CT < 25. Sampel dianalisa menggunakan *Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction* (RT-PCR) dan *Next-Generation Sequencing* (NGS).

Berdasarkan hasil analisis varian virus strain Manokwari Papua Barat didapatkan tiga varian yaitu Delta (B.1.617.2), varian B.1.466.2 dan varian Omicron (BA.1, BA.1.15 dan

BA.1.13.1). Selain itu, varian yang berbeda terdiri dari 1166 SNP, 1602 missense, 668 silent. Sampel virus varian Omicron memiliki jumlah SNP yang lebih banyak yaitu berkisar <56, sementara sampel virus varian B.1.466.2 paling sedikit jumlah SNP nya yaitu 26. Setelah dilakukan *mapping* mutasi sekuen genom sampel Manokwari berada pada wilayah gen NSP3, NSP12 dan protein spike. Berdasarkan pohon filogenetik varian virus SARS-CoV-2 Strain Manokwari Papua Barat terdiri atas 10 *clades*, dimana varian virus B.1.466.2 berdekatan dengan varian virus B.1.466.2 dari Sulawesi Tenggara dan Sumatra Barat.

Sedangkan, sampel dari Semarang Jawa Tengah menunjukkan pola mutasi sekuen genom virus SARS-CoV-2 banyak terjadi pada protein spike, NSP3, dan NSP2, dan varian virus SARS-CoV-2 tergolong varian Delta (B.1.617.2). Secara filogenetik, varian virus SARS-CoV-2 asal Semarang terdiri dari tiga *clades* dimana berdekatan dengan varian virus Delta dari Yogyakarta.

Perubahan yang terjadi pada basa tunggal menyebabkan perubahan asam amino pada daerah *conserve* protein, yang akibatnya struktur dan fungsi ikut berubah. Ketika SNP terjadi di dalam gen atau di wilayah regulasi gen, itu akan mempengaruhi fungsi gen dengan memainkan pengaruh yang lebih besar pada penyakit. Sebagian besar SNP tidak memiliki efek pada kesehatan atau perkembangan. Namun demikian, beberapa perbedaan genetik telah terbukti sangat penting dalam studi kesehatan manusia. Para peneliti telah menemukan SNP yang dapat membantu memprediksi respons seseorang terhadap obat-obatan tertentu, kerentanan terhadap faktor lingkungan seperti racun, dan risiko mengembangkan penyakit.



Gambar 1. SNP pada daerah ORF SARS-CoV-2

Kesimpulan yang dapat ditarik dari tulisan ini bahwa pengawasan terhadap genom merupakan langkah yang signifikan untuk pengembangan vaksin SARS-CoV-2 yang setiap strain virus menyebar berbeda di masyarakat karena terjadinya mutasi. Oleh karena itu, strategi pengembangan vaksin di Indonesia yang berdasarkan data genom dari setiap wilayah/provinsi akan menjadi pendekatan yang lebih adekuat untuk virus sejenis SARS-CoV-2.

DAFTAR PUSTAKA

1. World Health Organization. WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19. Available at: <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19>.
2. Rothan HA, Byrareddy SN. The epidemiology and pathogenesis of coronavirus disease (COVID-19) outbreak. *J. Autoimmun.* 2020; published online March 3. DOI: 10.1016/j.jaut. 2020. 102433.
3. Ren LL, Wang YM, Wu, ZQ, Xiang ZC, Guo L, Xu T, et al. Identification of a novel coronavirus causing severe Pneumonia in human: a descriptive study. *Chin Med J.* 2020; May 5, 2020 - Volume 133 - Issue 9 - p 1015-1024. DOI: 10.1097/CM9.0000000000000722.
4. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet.* 2020; 395 (10223): 497-506.
5. Adityo S, Martin R, Ceya WP, Widayat DS, Mira Y, Robert S, et al. Coronavirus disease 2019: Tinjauan literature terkini. *Jurnal penyakit dalam Indonesia.* 2020; 7(1): 45 -67.
6. John Hopkins University and Medicine. Coronavirus Research Center. Cited 19 June 2020. Available at: <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>.
7. World Health Organization. Situation CoViD-19 report-42 [Internet]. 2020 [update 2020 March 02]. Available at: <https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200302-sitrep-42-covid-19>.
8. De Wit E, van Doremalen N, Falzarano D, Munster VJ. SARS and MERS: recent insights into emerging coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2016;14(8):523-34.
9. Simmons G, Reeves JD, Rennekamp AJ, Amberg SM, Piefer AJ, Bates P. Characterization of severe acute respiratory syndrome-associated coronavirus (SARS-CoV) spike glycoprotein-mediated viral entry. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2004;101(12):4240-5.
10. Li G, Fan Y, Lai Y, Han T, Li Z, Zhou P, et al. Coronavirus infections and immune responses. *J Med Virol.* 2020;92(4):424-32.
11. Qin C, Zhou L, Hu Z, Zhang S, Yang S, Tao Y, et al. Dysregulation of immune response in patients with COVID-19 in Wuhan, China. *Clin Infect Dis.* 2020; published online March 12. DOI: 10.1093/ cid/ciaa248.

12. Kamaruddin, M., 2021. Modul Bahan Ajar: Virus SARS-CoV-2 untuk Mahasiswa Ilmu Laboratorium Klinik. UNIMUS Press, Semarang).
13. Kamaruddin, M., 2020. Genomic Surveillance: Genetic drift and environmental spreading dynamic of CoViD-19 in Indonesia. Disampaikan di Webinar IKABIO 2020. DOI: [10.31219/osf.io/cn4tm](https://doi.org/10.31219/osf.io/cn4tm)