

ABSTRAK

Judul : Analisis Polimorfisme Genom Virus SARS-CoV-2 Asal Indonesia dan Thailand
Nama : Selvi Erna Pratiwi
Program Studi : Bioteknologi

Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) penyebab penyakit coronavirus 2019 (COVID-19) menyebar secara cepat ke seluruh dunia dan menyebabkan pandemi global. Terdapatnya variabilitas genom SARS-CoV-2 yang tersebar di seluruh dunia menandakan virus telah melalui berbagai jalur evolusi. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui polimorfisme yang terjadi pada genom SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Thailand untuk mengetahui pola mutasi dari kedua negara yang masih berada dalam satu kawasan Asia Tenggara, sehingga berguna untuk pelacakan, deteksi SARS-CoV-2. Dengan menganalisis 274 sekuen SARS-CoV-2 dengan Nextclade dan membangun pohon filogenetik yang dibandingkan dengan referensi genom Wuhan NC_045512, evolusi dari virus SARS-CoV-2 dapat diamati. Analisis menunjukkan bahwa strain SARS-CoV-2 asal Indonesia di dominasi oleh klade L dan mayoritas strain asal Thailand di dominasi oleh klade S. Analisis menunjukkan bahwa strain SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Thailand berada satu garis ancestral virus. Hal ini menunjukkan bahwa kedua strain memiliki kekerabatan dekat. Data, juga menunjukkan total mutasi, insersi, dan delesi pada strain asal Thailand memiliki perbedaan dengan strain asal Indonesia yang kemungkinan besar berpengaruh pada evolusi virus SARS-CoV-2. Dari penelitian ini dapat disimpulkan bahwa data genetik dapat berkontribusi untuk pelacakan transmisi virus SARS-CoV-2 dan membantu dalam mengimplementasikan langkah-langkah untuk mengendalikan penyebaran virus.

Kata kunci: Polimorfisme, nextclade, analisis pohon filogenetik, variasi genetik, SARS-CoV-2.

ABSTRACT

Title : Polymorphism Analysis of The SARS-CoV-2 Virus Genome From Indonesia and Thailand
Name : Selvi Erna Pratiwi
Study program : Biotechnology

Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) which causes coronavirus disease 2019 (COVID-19) is spreading rapidly throughout the world and causing a global pandemic. The variability of the SARS-CoV-2 genome that spread throughout the world indicates that the virus has gone through various evolutionary paths. This study is aimed to determine the polymorphisms that occur in the SARS-CoV-2 genome from Indonesia and Thailand to know the mutation patterns of the two countries that are still in the same Southeast Asian region. So that is useful for tracking and detecting SARS-CoV-2. By analyzing 274 sequences of SARS-CoV-2 with Nextclade and constructing a phylogenetic tree compared to the Wuhan NC_045512 genome reference, the evolution of the SARS-CoV-2 virus can be observed. Our analysis shows that the SARS-CoV-2 strain from Indonesia is dominated by the L clade and the majority of strains from Thailand are dominated by the S clade. Phylogenetic tree analysis

shows that SARS CoV-2 strains from Indonesia and Thailand are in the same line of viral ancestral the two strains are closely related. From the data, it also shows that the total mutations, insertions and deletions in strains from Thailand are different from strains from Indonesia which are likely to have an effect on the evolution of the SARS-CoV-2 virus. From this study it can be concluded that genetic data can contribute to tracking the transmission of the SARS-CoV-2 virus and assist in implementing measures to control the spread of the virus.

Key words: Polymorphism, nextclade, phylogenetic tree analysis, genetic variation, SARS-CoV-2.