

ABSTRAK

| | |
|---------------|--|
| Judul | : Analisis polimorfisme genom virus SARS-CoV-2 dari Indonesia dan Amerika Serikat (Illinois) |
| Nama | : Cindy Fransisca |
| Program Studi | : Bioteknologi |

Sejak tanggal 11 Maret 2020, *World Health Organization* (WHO) telah menetapkan COVID-19 yang disebabkan oleh virus SARS-CoV-2 sebagai pandemi karena tingkat penyebaran dan keparahan yang cukup tinggi. Adanya polimorfisme pada sekuen genom virus SARS-CoV-2 menjadi tantangan dalam penanggulangan pandemi COVID-19. Penelitian mengatakan bahwa terdapat perbedaan antara virus SARS-CoV-2 yang ditemukan di Amerika Serikat dan Asia. Maka dari itu, perlu dilihat perbedaan karakteristik virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Amerika Serikat yang menyebabkan adanya perbedaan dalam penanggulangan pandemi COVID-19. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi pola mutasi genom virus SARS-CoV-2 dari Indonesia dibandingkan dengan Illinois, Amerika Serikat. Sekuen genom virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Illinois diunduh dari basis data GISAID, kemudian dilakukan analisis filogenetik menggunakan ViPR dengan pendekatan *Maximum Likelihood* dan analisis mutasi genom menggunakan *NextClade*. Hasil menunjukkan bahwa pola mutasi genom virus SARS-CoV-2 asal Indonesia serupa dengan virus SARS-CoV-2 asal Illinois, Amerika Serikat. Hal ini ditunjukkan dari kecenderungan mutasi virus SARS-CoV-2 kedua wilayah yang mengarah ke *clade* GH. Sekuen genom virus SARS-CoV-2 kedua wilayah juga diperkirakan mengalami banyak perubahan pada target primer China CDC sehingga deteksi virus SARS-CoV-2 menggunakan primer tersebut kemungkinan kurang efektif untuk dilakukan di Indonesia dan Illinois, Amerika Serikat.

Kata kunci: virus SARS-CoV-2, polimorfisme, mutasi, Indonesia, Amerika Serikat

ABSTRACT

| | |
|---------------|--|
| Title | : Polymorphism Analysis of SARS-CoV-2 Virus Genome From Indonesia and United States (Illinois) |
| Name | : Cindy Fransisca |
| Study program | : Biotechnology |

World Health Organization (WHO) has declared COVID-19 as pandemic since March 20, 2020 because of its spread rate and severity. Polymorphism in the SARS-CoV-2 genome sequence poses a challenge for ending the COVID-19 pandemic. Research shows there are differences between SARS-CoV-2 virus from USA and Asia. Therefore, there is a need to analyze the characteristic differences between SARS-CoV-2 virus from Indonesia and USA that may need different method in solving the COVID-19 pandemic. The goal of this research is to identify the mutation pattern of SARS-CoV-2 genome sequences from Indonesia comparing to Illinois, USA. The SARS-CoV-2 genome sequences from Indonesia and Illinois was downloaded from GISAID database, then phylogenetic analysis was performed using ViPR with Maximum Likelihood method and genome mutation analysis was performed using NextClade. Results show that SARS-CoV-2 genome from Indonesia has similar mutation pattern with SARS-CoV-2 genome from Illinois, USA. It is proven by the mutation tendency of SARS-CoV-2 from both area into clade GH. SARS-CoV-2 genome sequence from both area also predicted to have a lot of changes in China CDC primer target, causing less effectiveness of using that primer for detecting SARS-CoV-2 virus in Indonesia and Illinois, USA.

Key words: SARS-CoV-2 virus, polymorphism, mutation, Indonesia, USA