

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Virus SARS-CoV-2 merupakan virus yang berasal dari famili *Coronaviridae* dan penyebab penyakit pernapasan akut yang disebut *Coronavirus Disease 2019* (COVID-19) (Wu *et al.*, 2020). Sejak tanggal 11 Maret 2020, *World Health Organization* (WHO) telah menetapkan COVID-19 sebagai pandemi dikarenakan tingkat penyebaran dan keparahan yang cukup tinggi (*World Health Organization*, 2020). Angka kasus COVID-19 di Indonesia sendiri telah mencapai 1.288.833 kasus pada tanggal 23 Februari 2021, di mana 1.096.994 di antaranya sembuh dan 34.691 meninggal dunia (Worldometer, 2020). Pengembangan metode deteksi, pelacakan, juga pembuatan vaksin dan obat menjadi hal yang sangat penting dalam penanggulangan pandemi COVID-19. Akan tetapi, adanya polimorfisme pada sekuen genom virus SARS-CoV-2 menjadi tantangan dalam penanggulangan COVID-19 (Chen *et al.*, 2020).

Polimorfisme merupakan variasi sekuen DNA/RNA pada suatu populasi ketika satu nukleotida dalam genom berubah. Kejadian ini sering disebut sebagai nukleotida polimorfisme tunggal (*single nucleotide polymorphisms*, SNP) atau mutasi (Lusiastuti *et al.*, 2015). Mutasi umum terjadi secara acak pada virus RNA karena kebanyakan virus RNA tidak memiliki mekanisme untuk memperbaiki kesalahan sekuen saat transkripsi atau replikasi. Virus SARS-CoV-2 sendiri merupakan virus RNA yang memiliki enzim nsp14 yang berfungsi memperbaiki kesalahan nukleotida sehingga proses transkripsi dan replikasi berlangsung lebih akurat. (Ferron *et al.*, 2018). Meskipun begitu, hingga tanggal 24 April 2020, virus SARS-CoV-2 telah mengalami 4.459 mutasi yang bisa dikategorikan dalam lima sub tipe dibandingkan dengan genom virus SARS-Cov-2 pertama pada 5 Januari 2020 (Wang *et al.*, 2020). Bahkan mutasi D614G pada protein *spike* (S) dikatakan dapat meningkatkan efisiensi penyebaran dan infeksi dari virus SARS-CoV-2 (L. Zhang *et al.*, 2020).

Dengan kemampuan mutasi virus SARS-CoV-2 saat ini, maka diperlukan basis data untuk berbagi informasi data genom virus SARS-CoV-2 yang terbaru dan terintegrasi. *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID) merupakan basis data yang telah diakui terpercaya dan efektif untuk berbagi data influenza baik yang sudah dipublikasikan maupun belum dipublikasikan (Shu & McCauley, 2017). Dalam keadaan pandemi, GISAID menjadi sangat penting untuk mengakses data genom virus terbaru dengan cepat. Hal ini akan membantu dalam pelacakan, deteksi virus, serta pengembangan vaksin dan obat. Indonesia sudah memiliki 98 sekuen genom virus SARS-CoV-2 dalam GISAID per tanggal 16 Oktober 2020 dan perlu dianalisis lebih lanjut.

Illinois merupakan negara bagian Amerika Serikat dengan jumlah kasus COVID-19 per tanggal 23 Februari 2021 sebanyak 1.175.655 kasus, di mana 1.055.196 di antaranya sembuh dan 22.506 meninggal dunia (Worldometer, 2020). Dengan jumlah angka kasus COVID-19 yang relatif sama dengan Indonesia, maka Illinois digunakan untuk merepresentasikan Amerika Serikat. Hal ini dilakukan karena kurang relevan jika membandingkan sekuen genom virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dengan Amerika Serikat yang memiliki jumlah kasus COVID-19 jauh lebih tinggi. Penelitian mengatakan bahwa terdapat perbedaan antara virus SARS-Cov-2 yang ditemukan di Amerika Serikat dan Asia (Koyama et al., 2020). Maka dari itu, perlu dilihat apakah terdapat perbedaan karakteristik virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Amerika Serikat yang menyebabkan adanya perbedaan dalam penanganan pandemi COVID-19.

Pemahaman mengenai pola mutasi genom virus SARS-CoV-2 memegang peran penting dalam penanganan pandemi COVID-19. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi pola mutasi genom virus SARS-CoV-2 dari Indonesia dibandingkan dengan Illinois, Amerika Serikat. Dengan harapan pola mutasi ini dapat membantu dalam melacak atau mendeteksi virus SARS-CoV-2.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah yang akan dibahas dalam penelitian ini dibagi menjadi beberapa poin, antara lain

- a. Bagaimana perbandingan *clade* virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Illinois?
- b. Bagaimana hubungan kekerabatan antara sekuen genom virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Illinois?
- c. Bagaimana perbandingan mutasi sekuen genom virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dan Illinois?

1.3 Tujuan Penelitian

1. Tujuan Umum:
Mengetahui pola mutasi genom virus SARS-CoV-2.
2. Tujuan Khusus:
Mengetahui pola mutasi genom virus SARS-CoV-2 dari Indonesia dibandingkan dengan Illinois, Amerika Serikat.

1.4 Manfaat Penelitian

1. Bagi Mahasiswa
Penelitian ini diharapkan dapat menambah pengetahuan dan wawasan dalam mengakses basis data GISAID dan melakukan analisis mutasi sekuen genom.
2. Bagi Program Studi
Penelitian ini diharapkan dapat memberikan sumbangan pemikiran untuk memperkaya ilmu pengetahuan dalam bidang bioteknologi, terutama dalam bidang bioinformatika.
3. Bagi Industri
Penelitian ini diharapkan dapat berkontribusi dalam menganalisis pola mutasi virus SARS-CoV-2 sehingga memberikan informasi jika adanya perubahan primer PCR yang digunakan dalam deteksi virus SARS-CoV-2.