

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Pada akhir tahun 2019, muncul penyakit pneumonia yang menyerang manusia dan memiliki perbedaan dengan pneumonia yang biasa ditemukan. Penyakit tersebut disebabkan oleh patogen yang diidentifikasi sebagai virus corona baru yang diberi nama *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2* (SARS-CoV-2) berdasarkan analisis filogenetik dari virus corona. Penyakit yang ditimbulkan oleh SARS-CoV-2 ini lebih dikenal dengan penyakit coronavirus2019--- COVID 19, dan mengalami penyebaran dengan cepat ke seluruh penjuru dunia hingga meningkatkan masalah kesehatan masyarakat global (Shi *et al.*, 2020).

Pada tanggal 11 Maret 2020, *World Health Organization* (WHO) menyatakan wabah yang disebabkan oleh SARS-CoV-2 menyandang status pandemi (Hijikata *et al.*, 2020). Covid-19 sudah menyebar ke negara Indonesia dan mengalami peningkatan jumlah kasus yang signifikan karena hingga 23 Februari 2021, total kasus di negara Indonesia mencapai angka 1.288.833 dengan 1.096.994 dinyatakan sembuh, 34.691 meninggal dan 157.148 sisanya merupakan kasus aktif. Selain itu, Indonesia menduduki peringkat ke-18 dunia dengan jumlah kasus positif Covid-19 terbanyak, kemudian Turki yang terletak di perbatasan benua Asia dan Eropa menduduki peringkat ke-9 dunia dengan total kasus sebanyak 2.646.526 kasus dengan 2.529.450 kasus diantaranya dinyatakan sembuh, 28.138 kasus kematian, dan sisa 88.938 merupakan kasus aktif. (Worldometer, 2021).

Hingga bulan Juni tahun 2020, SARS-CoV-2 telah mengalami lebih dari sepuluh ribu mutasi tunggal yang tercatat apabila dibandingkan dengan genom referensi pada bulan Januari tahun 2020. Mutasi tunggal yang terjadi merupakan kejadian polimorfisme yaitu sebagian kecil variasi atau perbedaan pada urutan materi genetik dalam populasi suatu spesies. Variasi ini disebut dengan *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) yang menimbulkan keragaman dalam populasi (Butarbutar *et al.*, 2020). SARS-CoV-2 merupakan virus RNA yang umumnya memiliki laju mutasi tinggi dan umum terjadi secara acak, disebabkan aktivitas enzim RNA-dependent RNA polimerase virus yang mudah mengalami kekeliruan

karena tidak adanya mekanisme *proofreading* enzim untuk memperbaiki kekeliruan sekuen saat proses transkripsi atau replikasi (Mulyono *et al.*, 2016).

Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) merupakan platform berbagi data virus influenza yang sudah maupun belum dipublikasikan secara internasional dengan aksesibilitas yang mudah dan cepat. GISAID memiliki peranan penting sehingga para peneliti dunia mampu mengakses dan berbagi data genom SARS-CoV-2 untuk deteksi virus dan pengembangan vaksin. (Elbe & Buckland-Merrett, 2017; Shu & McCauley, 2017).

Hal yang mendasari pemilihan negara Indonesia dalam penelitian ini yaitu penulis yang lahir dan tinggal di negara Indonesia sehingga memiliki keinginan untuk memahami pola mutasi virus yang berkemungkinan menghasilkan solusi penanganan paling efektif untuk segera menanggulangi pandemi di negara Indonesia. Sedangkan, negara Turki dipilih dalam penelitian ini dibandingkan negara Eropa lain dikarenakan negara Turki berlokasi di persilangan dua benua yaitu benua Eropa dan benua Asia sehingga menjadi negara transit dimana akan banyak orang yang bepergian ke dan dari negara Turki sehingga muncul kemungkinan bahwa negara Turki menjadi penghubung mobilisasi manusia antar benua.

Per tanggal 16 Oktober 2020, Indonesia sudah mengunggah 98 sekuen genom lengkap SARS-CoV-2 ke basis data GISAID yang perlu dianalisis lebih lanjut untuk mengidentifikasi identitas polimorfisme (perbedaan sekuen) dibandingkan dengan sekuen genom SARS-CoV-2 yang juga telah diunggah ke basis data GISAID dan berasal dari Eropa, tepatnya negara Turki yang telah mengunggah 175 sekuen genom pada tanggal yang sama. Hal ini dilakukan untuk mengidentifikasi pola mutasi virus SARS-CoV-2 serta memahami perbedaan cara penanganan yang mempengaruhi tingkat kematian, kesembuhan dan total kasus aktif diantara kedua negara. Pemahaman mengenai pola mutasi virus ini menjadi sangat penting karena berpengaruh pada metode deteksi molekulernya yang disebabkan mutasi dapat mengubah sekuens target primer.

1.2 Rumusan Masalah

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

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

1.3 Tujuan Penelitian

1. Tujuan Umum:

Mengidentifikasi pola mutasi genom virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dibandingkan dengan genom virus SARS-CoV-2 asal Turki, Eropa.

2. Tujuan Khusus:

Menghasilkan data komprehensif berisikan posisi dan letak mutasi dari virus SARS-CoV-2 asal Indonesia dibandingkan dengan virus SARS-CoV-2 asal Turki di benua Eropa, yang dapat digunakan dalam metode deteksi untuk berbagai penelitian aplikasi lanjutan seperti pembuatan desain primer.

1.4 Manfaat Penelitian

1. Bagi Mahasiswa

Penelitian ini diharapkan dapat menambah pengetahuan, pemahaman, dan wawasan mengenai nilai guna bioteknologi dan peran bioteknologi khususnya bidang bioinformatika dalam analisis polimorfisme genom virus SARS-CoV-2.

2. Bagi Program Studi

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan sumbangan pemikiran yang dapat memperkaya khazanah ilmu pengetahuan dalam bidang bioteknologi, terutama dalam hal pengetahuan tentang nilai guna bioteknologi dan bioinformatika.

3. Bagi Industri Kesehatan

Penelitian ini diharapkan dapat berkontribusi dalam menghasilkan data genom mengenai pola mutasi virus SARS-CoV-2 Indonesia dibandingkan dengan Turki, Eropa yang dapat dijadikan acuan dalam pembuatan desain primer untuk metode deteksi.