

Analisis Mutasi Hemagglutinin (HA) pada Virus Influenza Subtipe H5N1 dari Indonesia secara in Silico

Ihdina Inti Rachma, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179864&lokasi=lokal>

Abstrak

Avian influenza H5N1 hingga november 2007 telah menyerang dan menewaskan 81 orang dari 102 orang yang terinfeksi di Indonesia. Pada saat ini, masalah penting yang dikuatirkan oleh para ahli adalah kemungkinan munculnya subtipe baru virus influenza yang mampu menular antar manusia. Hal ini dapat terjadi bersamaan dengan adanya virus subtipe baru yang mungkin terbentuk akibat mutasi atau reassortment (reassortment) virus avian influenza asal unggas dan virus human influenza. Mutasi pada virus influenza dapat menimbulkan perubahan komposisi atau susunan asam amino pada virus yang dapat mempengaruhi aktivitas virus.

Penelitian melalui bioinformatika pada beberapa virus avian influenza menunjukkan bahwa, dibandingkan dengan NA (Neuraminidase) dan NP (Nucleoprotein), ternyata HA (Haemagglutinin) lebih mudah mengalami mutasi. Kemampuan virus Avian influenza untuk melakukan mutasi memungkinkan virus untuk berubah sifat patogenitasnya.

Pada penelitian ini dilakukan analisis mutasi yang terjadi pada virus H5N1 yang terjadi di Indonesia, dengan cara melihat perubahan nukleotida dan analisis posisi epitop pada asam aminonya. Dengan demikian dapat diperkirakan apakah mutasi tersebut dapat mempengaruhi patogenitas atau tidak. Virus yang dianalisis diambil hanya dari kasus H5N1 yang menyerang manusia.

Penelitian ini menggunakan metode Sequence alignment dengan program MAFFT dan prediksi epitop menggunakan program IMMUNEEPIPOPE. Didapatkan banyak sekali perubahan nukleotida pada sekuen hemagglutinin pada H5N1 di Indonesia, namun berdasarkan prediksi epitope ternyata belum mengalami mutasi yang cukup drastis hingga mengubah patogenitas virus tersebut.