

## Analisis variasi genetik Hemagglutinin, Matrik 1, dan non struktural 1 dari H5N1 di Indonesia yang mempengaruhi tingkat patogenesisnya terhadap manusia secara *in silico*

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20181857&lokasi=lokal>

---

### Abstrak

Avian influenza (H5N1) merupakan suatu penyakit yang disebabkan oleh virus influenza tipe A yang dapat menyebabkan kematian cukup tinggi. Kasus virus influenza A yang mematikan bagi manusia antara lain H1N1 tahun 1918, H2N2 tahun 1957-1958, H3N2 pada tahun 1987-1988, dan kasus terbaru adalah H1N1 tahun 2009. Hal ini menjelaskan bahwa mutasi yang terjadi dapat mempengaruhi tingkat patogenesis dari virus influenza. Analisis mutasi secara *in silico* dapat dilakukan dengan menggunakan metode multiple alignment disertai pembuatan phylogenetic tree. Mutasi yang diamati untuk Hemagglutinin (HA) dilakukan pada daerah cleavage site, sedangkan untuk Non Struktural (NS) 1 dan Matrik (M) 1 dilakukan pada seluruh daerah pada sekuen. Pola untuk H5N1 Indonesia dan Hongkong pada cleavage site HA adalah R-X-K/R-R, sedangkan sekuen subtipe H1N1, H1N2, dan H3N2 tidak memiliki pola ini. Pola ini menyebabkan HA H5N1 mudah terpotong oleh furin sesuai hasil prediksi pro-P (furin). Mutasi spesifik pada sekuen NS1 untuk kontrol (A/Indonesia/5/2005 (H5N1), A/Indonesia/CDC1032/2007 (H5N1), A/Hong Kong/156/97 (H5N1), A/Brevig Mission/1/18 (H1N1), A/Mexico/InDRE4487/2009 (H1N1)) terdapat di posisi 53. Pada M1 tidak ditemukan posisi mutasi spesifik untuk kontrol yang identik untuk ketiga subtipe tersebut. Sekuen NS1 dan M1 kontrol maupun subtipe H1N1, H1N2, dan H3N2 memiliki nilai IC<sub>50</sub> dibawah 50nM sehingga masih dapat dikenali dengan baik oleh sistem imun host. Mutasi spesifik tidak terjadi pada daerah pengenalan epitope. Hasil mutasi spesifik yang terjadi ini baik untuk NS1 dan M1 tidak mempengaruhi perubahan struktur sekunder maupun struktur tersier protein secara signifikan dari kontrol dengan sekuen H1N1, H1N2, dan H3N2. Hal ini terlihat dari nilai RMSD (Root Mean Square Deviation) setelah dilakukan superimpose terhadap struktur protein 3D hasil prediksi