

Identifikasi Varian SARS-CoV-2 Dan Profil Komunitas Bakteri Pada Sampel Swab Naso/Oropharynx Pasien COVID-19 = Identifikasi Of SARS-COV-2 Variants And Naso/Oropharyngeal Bacterial Community Profiling From Swab Samples Of COVID-19 Patients

Isnaini Zakiiyah Asyifa, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920520176&lokasi=lokal>

Abstrak

Latar Belakang: COVID-19 merupakan penyakit yang disebabkan oleh infeksi SARS-CoV-2 yang dapat mengalami mutasi sehingga membentuk beberapa varian baru. Perubahan varian tersebut dapat menyebabkan proses transmisi virus yang cepat hingga meningkatnya mortalitas dan morbiditas pada pasien COVID-19. Adanya mikrobiota pada saluran pernafasan yang merupakan bagian dari sistem kekebalan tubuh dapat memberikan perlindungan dari infeksi dan pathogenesis SARS-CoV-2 pada tubuh manusia.

Akan tetapi, patogenesis virus dari beberapa varian SARS-CoV-2 yang berbeda dapat menghambat homeostasis dari komunitas mikroba pada saluran pernafasan. Oleh sebab itu perlu dilakukan identifikasi varian SARS-CoV-2 dan profil komunitas bakteri pada sampel swab naso/orofaring pasien COVID-19, untuk mendapatkan data awal profil komunitas mikroba dan korelasinya dengan varian SARS-CoV-2.

Metode: Penelitian menggunakan sampel swab naso/orofaring pasien COVID-19. Sekuensing sampel dilakukan sebanyak dua kali. Sekuensing pertama bertujuan untuk mengidentifikasi varian SARS-CoV-2 menggunakan Whole Genome Sequencing (WGS) dari Oxford Nanopore Technologies (ONT). Sekuensing kedua bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman bakteri pada naso/orofaring pasien COVID-19 menggunakan amplifikasi gen 16S rRNA. Kemudian analisis bioinformatika dilakukan untuk memperoleh profil komunitas mikroba pada beberapa varian SARS-CoV-2.

Hasil: Ditemukan enam varian SARS-CoV-2 yang dideteksi pada sampel terpilih yang dikoleksi selama bulan Maret-Juni 2021, dengan hasil varian yang mendominasi adalah varian Delta, Alpha, dan Lokal. Pada varian Alpha dan Delta didominasi oleh genus bakteri Streptococcus, Prevotella, dan Veillonella. Pada varian lokal, genus yang mendominasi yaitu Corynebacterium, Staphylococcus, dan Salmonella.

Kesimpulan: Komunitas bakteri yang ditemukan pada sampel swab naso/orofaring pasien COVID-19 memiliki tingkat keragaman yang signifikan antar varian SARS-CoV-2. Komunitas bakteri yang ditemukan didominasi oleh genus Prevotella, Streptococcus, Corynebacterium, dan Veillonella. Persentase jumlah bakteri paling banyak yaitu genus Prevotella sebesar 27%. Genus bakteri Prevotella dan Veillonella banyak ditemukan pada varian SARS-COV-2 Alpha dan Delta, yang memiliki potensi meningkatkan inflamasi dan tingkat keparahan pada pasien COVID-19.

.....Background: COVID-19 is a disease caused by infection of a SARS-CoV-2 virus that can undergo mutations to form several new variants. These variants could lead to a more rapid transmission, which increases mortality and morbidity in COVID-19 patients. The presence of microbiota in the respiratory tract as part of the immune system provides protection from viral infections and pathogenesis in the human body. However, pathogenesis of different SARS-CoV-2 variants plays a role in inhibiting the homeostasis of the microbial community in the respiratory tract. Therefore, it is necessary to identify the SARS-CoV-2 variants and profile the bacterial community profile in naso/oropharynx using swab samples of COVID-19 patients, to obtain initial data regarding the microbial community profile of COVID-19 patients and potential

correlation with the SARS-CoV-2 variants.

Methods: This study used naso/oropharyngeal swab samples from COVID-19 patients. Sample sequencing was performed twice. The first sequencing aims to identify variants of SARS-CoV-2 using Whole Genome Sequencing (WGS) with Oxford Nanopore Technologies (ONT) platform. The second sequencing aims to identify bacterial diversity in the naso/oropharynx of COVID-19 patients using 16S rRNA gene amplification followed by profiling of the microbial community using bioinformatic analysis.

Results: Six variants of SARS-CoV-2 were identified in the selected samples collected during March-June 2021, with the dominant variants being Delta, Alpha, and Local variants. The microbial community of samples belonging to the Alpha and Delta variants was dominated by the bacterial genera *Streptococcus*, *Prevotella*, and *Veillonella*. Meanwhile, in the samples identified as having local variant, the dominant genera were *Corynebacterium*, *Staphylococcus*, and *Salmonella*.

Conclusion: The bacterial diversity in the swab samples naso/oropharyngeal of COVID-19 patients varied significantly among SARS-CoV-2 variants. The bacterial community was dominated by the genera *Prevotella*, *Streptococcus*, *Corynebacterium*, and *Veillonella*. The highest percentage of genus was *Prevotella* by 27%. The genera *Prevotella* and *Veillonella* were found in the SARS-CoV-2 Alpha and Delta variants, which have the potential to increase inflammation and severity in COVID-19 patients.