

Dynamics of SARS-CoV-2 spike gene mutation in RBD domain and pathogenicity consequences on circulating variants in Indonesia in 2020-2022 using genomic profiling = Dinamika mutasi protein spike RBD SARS-CoV-2 dan konsekuensi patogenesis pada varian beredar di Indonesia tahun 2020-2022 menggunakan profiling genomik

Nabiel Muhammad Haykal, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920565760&lokasi=lokal>

Abstrak

Latar Belakang

Sejak awal pandemi, dinamika mutasi pada domain RBD pada protein S-glycoprotein SARS-CoV-2 telah mengubah patogenesis varian yang beredar di Indonesia. Penelitian ini akan menganalisis tren mutasi pada berbagai sampel domain RBD di Indonesia yang telah dipublikasikan di Genomic Database dengan menggunakan genomic profiling Metode

Pasien yang terinfeksi COVID-19 di Indonesia yang sampelnya telah dipublikasikan di database genomik dipilih untuk penelitian. Data berikut akan menjalani beberapa protokol bioinformatika, divisualisasikan ke dalam pohon filogenetik, rendering 3D, dan penilaian dampak mutasi untuk dianalisis.

Hasil

Terdapat 25 clade unik dan 318 RBD unik di Indonesia, mulai dari sampel paling awal hingga tahun 2022. T478K merupakan mutasi RBD yang paling sering, sedangkan 22B merupakan clade yang paling banyak diamati di Indonesia. Varian omicron menunjukkan skor docking yang lebih rendah dan destabilisasi protein yang lebih tinggi serta Kd yang lebih tinggi daripada galur tipe delta dan liar.

Kesimpulan

Hasil dari penelitian tersebut menunjukkan tren penurunan patogenesis virus kemungkinan sebagai pertukaran untuk peningkatan penularan karena mutasi pada RBD selama bertahun-tahun.

.....Introduction

Since the beginning of the outbreak, the dynamic mutations on the RBD domain in the SARS-CoV-2 spike protein have altered the pathogenicity of variants circulating in Indonesia. This research analyzed the mutation trend on the various sample RBD domains in Indonesia published in Genomic Databases using genomic profiling.

Method

Patients infected with COVID-19 in Indonesia with samples published in genomic databases are selected for the research. The following data underwent several bioinformatics protocols, visualized into phylogenetic trees, 3D rendering, and assessment of mutational impact for analysis.

Results

There are 25 unique clades and 318 unique RBD in Indonesia, ranging from the earliest sample to 2022. T478K was the most frequent RBD mutation, while 22B was the most abundant clade observed in Indonesia. The omicron variant showed a lower docking score, higher protein destabilization, and higher Kd than the delta and wild-type strains. Conclusion

The results from the study suggested a decreasing trend in the virus pathogenicity as a potential trade-off to increased transmissibility due to the mutations in RBD throughout the years.