

## EDITORIAL

***Virus Corona (SARS-CoV-2) penyebab COVID-19 kini telah bermutasi*****Edy Parwanto**Departemen Biologi, Fakultas Kedokteran Universitas Trisakti, Indonesia  
Email: edyparwanto@trisakti.ac.id; edy.parwanto@gmail.com

Telah dikemukakan bahwa virus corona menjadi penyebab COVID-19.<sup>(1)</sup> Virus corona yang dimaksud yaitu SARS-CoV-2, sedangkan COVID-19 kependekan dari *corona virus disease-19*. COVID-19 adalah penyakit yang disebabkan oleh SARS-CoV-2 yang muncul awal Desember tahun 2019 di Wuhan, China. Sifat virus corona tersebut mudah menginfeksi manusia dan mudah menyebar hampir keseluruh penjuru dunia. Oleh karena itu terjadilah wabah (pandemi) COVID-19.

Seiring berjalannya waktu, virus corona mengalami mutasi gen. Mutasi gen merupakan perubahan gen secara spontan dan bersifat turun menurun dari partikel virus induk ke partikel virus anaknya. Kita mengetahui bahwa gen virus corona terusun atas rangkaian *ribo nucleic acid* (RNA), oleh karena itu virus corona digolongkan sebagai virus RNA. Rangkaian gen pada virus corona tersebut menyusun genom virus corona. Genom virus corona mengandung 29 903 nukleotida (nt). Komponen genom virus corona yaitu 5' *untranslated region* (5' UTR), rangkaian gen virus corona pengkode protein dan 3' *untranslated region* (3' UTR). Bagian 5' UTR terdapat pada *up stream* (pangkal) sedangkan 3' UTR terdapat di bagian *down stream* (ujung), keduanya tidak mengkode protein. Secara berurutan dari arah *up stream* ke *down stream*, rangkaian gen virus corona terdiri atas gen ORF 1ab, gen S, gen ORF 3a, gen E, gen M, gen ORF 6, gen ORF 7a, gen ORF 7b, gen ORF 8, gen N, gen ORF 10.<sup>(2)</sup>

Virus corona yang mengandung gen tidak bermutasi disebut "*SARS-CoV-2 wild type*", sedangkan virus corona yang mengandung gen bermutasi disebut "*SARS-CoV-2 mutant*". Semakin banyak mutasi gen pada virus corona, semakin banyak varian dari SARS-CoV-2. Mutasi gen virus corona menjadi populer semenjak

ditemukannya varian SARS-CoV-2 di Inggris, Afrika Selatan, Braszil, Amerika Serikat dan negara lainnya.

Varian SARS-CoV-2 yang ditemukan di Inggris pada tanggal 18 Desember 2020 yaitu B.1.1.7 atau *Variant Under Investigation-2020-month12/varian 01* (VUI-202012/01).<sup>(3)</sup> Varian B.1.1.7 memiliki karakteristik mutasi pada gen S, kemudian disebut sebagai 20I/501Y.V1.<sup>(4)</sup> Hasil penelitian terkini memperlihatkan bahwa varian B.1.1.7 berhubungan dengan perubahan nyata terhadap phenotype (bentuk luar) SARS-CoV-2.<sup>(5)</sup> Selain itu, varian B.1.1.7 juga disebut sebagai *variant of concern 202012/01* (VOC-202012/01).<sup>(6)</sup> Diketahui kemudian bahwa varian B.1.1.7 menyebar cepat di beberapa negara, demikian juga lebih efektif penyebarannya dibanding *SARS-CoV-2 wild type*.<sup>(4)</sup> Dalam penelitian retrospektif observasional diperlihatkan bahwa varian B.1.1.7 berhubungan dengan peningkatan risiko kematian sebesar 30%.<sup>(7)</sup>

Selain varian B.1.1.7 di atas, ditemukan juga varian B.1.351 di Afrika Selatan. Varian B.1.351 memiliki 8 mutasi pada gen S, 3 diantaranya yaitu K417N, E484K dan N501Y. Istilah lain untuk varian B.1.351 yaitu 501Y.V2.<sup>(8)</sup> Dilaporkan bahwa varian B.1.351 memiliki afinitas terhadap ACE-2 20 kali lebih kuat dibanding varian SARS-CoV-2 yang mewabah di Wuhan, China.<sup>(9)</sup>

Selain kedua varian SARS-CoV-2 yang telah dijelaskan tersebut di atas, muncul varian lain yaitu varian B.1.429. Varian B.1.429 telah diidentifikasi di California, Amerika Serikat. Mutasi yang terjadi pada varian B.1.429 yaitu gen ORF1a (I4205V), gen ORF1b (D1183Y), gen S (S13I, W152C, L452R).<sup>(10)</sup> Dilaporkan bahwa varian B.1.429 memiliki penyebaran yang cepat di Amerika Serikat.<sup>(6)</sup>

Telah dilaporkan juga ada penemuan varian 20 J/501Y.V3 (P.1) dari SARS-CoV-2

yang memiliki mutasi K417T / E484K / N501Y di Kofu, Jepang.<sup>(11)</sup> Varian tersebut identik dengan varian P.1 (B.1.1.28) yang ditemukan di Brazil Utara.<sup>(12)</sup>

Laporan tentang mutasi pada SARS-CoV-2 dapat disampaikan bahwa untuk varian 20V/501Y.V1 (Inggris) memiliki ciri mutasi 69-70 del, 145 del, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A dan D1118H. Varian 20H/501Y.V2 (Afrika Selatan) memiliki ciri mutasi D80A, D215G, K417N, E484K, N501Y, D614G dan A701V. Varian 20J/501Y.V3 (P.1, Brazil) memiliki ciri mutasi L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I dan V1176F. Sehubungan dengan mutasi tersebut, selanjutnya dilaporkan bahwa sampel yang diambil dari seseorang yang pulang dari Brazil ke Jepang pada Februari 2021 memiliki ciri mutasi L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I dan V1176F. Berbeda dengan mutasi tersebut, sampel dari seseorang yang pulang dari Afrika ke Jepang pada bulan Maret 2021 memiliki ciri mutasi D614G.<sup>(11)</sup> Selain itu, varian G614 dengan mutasi D614G pada gen S dari SARS-CoV-2 telah berhasil diidentifikasi di Pakistan.<sup>(13)</sup>

Berkaitan dengan mutan SARS-CoV-2 tersebut di atas dinyatakan bahwa tingkat penyebarannya tinggi baik di negara asal maupun secara global.<sup>(9)</sup> Varian B.1.1.7, B.1.351 dan P.1 menginfeksi orang pada semua usia terutama pada kelompok usia menengah. Selain itu juga diperlihatkan adanya peningkatan risiko rawat inap dan perawatan ICU terkait dengan varian B.1.1.7, B.1.351 dan P.1. dari SARS-CoV-2.<sup>(14)</sup>

Sudah menjadi kenyataan bahwa akibat pandemi COVID-19, banyak orang yang meninggal. Korban meninggal akibat COVID-19 terjadi baik pada orang yang memiliki penyakit penyerta maupun yang tidak memiliki penyakit penyerta. Oleh karena itu, dengan adanya varian baru dari SARS-CoV-2 yang telah diuraikan di atas, orang yang memiliki penyakit penyerta agar lebih berhati-hati sehingga terhindar dari COVID-19. Beberapa penyakit penyerta yang berhubungan dengan COVID-19 telah dikemukakan antara lain diabetic ketoacidosis dan hipertensi,<sup>(15)</sup> penyakit jantung,<sup>(16)</sup> diabetes mellitus dan hipertensi.<sup>(17)</sup> Perlu dicatat bahwa orang yang menderita penyakit tersebut harus

lebih berhati-hati agar terhindar dari COVID-19. Tentunya peringatan “lebih berhati-hati untuk menghindari COVID-19” tidak hanya untuk orang dengan penyakit penyerta yang dijelaskan di atas, tetapi juga untuk orang dengan penyakit penyerta lainnya. Kami mengajak kepada setiap orang untuk tetap menerapkan protokol kesehatan dan mengikuti program vaksinasi COVID-19. Semoga wabah (pandemi) Covid-19 segera berlalu.

## REFERENSI

1. Parwanto MLE. Virus Corona (2019-nCoV) penyebab COVID-19. *J Biomedika Kesehat.* 2020;3(1):1-2. doi: 0.18051/JBiomedKes.2020.v3.1-2
2. Khailany RA, Safdar M, Ozaslan M. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2. *Gene Rep.* 2020;19:100682. doi: 10.1016/j.genrep.2020.100682
3. New and Emerging Respiratory Virus Threats Advisory Group (NERVTAG). NERVTAG meeting on SARS-CoV-2 variant under investigation VUI-202012/01. 18 Dec 2020 [Internet]. New and Emerging Respiratory Virus Threats Advisory Group; 2020. Available from: <https://khub.net/documents/135939561/338928724/SARS-CoV-2+variant+under+investigation%2C+meeting+minutes.pdf/962e866b-161f-2fd5-1030-32b6ab467896?t=1608491166921>
4. Rambaut A, Loman N, Pybus O et al. Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations [Internet]. *Virological*; 2020 Dec 9 [cited 2021 Apr 10]. Available from: <https://virological.org/t/preliminary-genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-the-uk-defined-by-a-novel-set-of-spike-mutations/563>
5. Volz E, Mishra S, Meera Chand M et al. Transmission of SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 in England: Insights from linking epidemiological and genetic data. *medRxiv [Preprint]*; [posted 2021 Jan 4; cited 2021 Apr 10]. doi: 10.1101/2020.12.30.20249034
6. Washington NL, Gangavarapu K, Zeller M et al. Genomic epidemiology identifies emergence and rapid transmission of SARS-CoV-2 B.1.1.7 in the United States. *medRxiv [Preprint]*; [posted 2021 Feb 7; cited 2021 Apr 10]. doi: 10.1101/2021.02.06.21251159
7. Horby P, Huntley C, Davies N, et al. NERVTAG paper on COVID-19 variant of concern B.1.1.7: Paper from the New and Emerging Respiratory Virus Threats Advisory Group (NERVTAG) on new coronavirus (COVID-19) variant B.1.1.7 [Internet]. UK: Department of Health and Social Care and Scientific Advisory Group for Emergencies; 2021 Jan 22 [cited 2021 Feb 8]. Available from: <https://www.gov.uk/government/publications/nervtag-paper-on-covid-19-variant-of-concern-b117>
8. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, et al. Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in

- South Africa. MedRxiv [Preprint]. [posted 2020 Dec 22]. doi: 10.1101/2020.12.21.20248640
9. Zhou D, Dejnirattisai W, Supasa P et al. Evidence of escape of SARS-CoV-2 variant B.1.351 from natural and vaccine-induced sera. *Cell*. 2021;189(9): 2348-2361. doi: 10.1016/j.cell.2021.02.037
  10. Zhang W, Davis BD, Chen SS et al. Emergence of a novel SARS-CoV-2 strain in southern California, USA. medRxiv [Preprint]. [posted 2021 Jan 20]. doi: 10.1101/2021.01.18.21249786
  11. Hirotsu Y, Omata M. Discovery of a SARS-CoV-2 variant from the P.1 lineage harboring K417T/E484K/N501Y mutations in Kofu, Japan. *J Infect*. 2021;82(6):276-316. doi: 10.1016/j.jinf.2021.03.013
  12. Faria NR, Claro IM, Candido D, et al. Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings [Internet]. *Virological*; 2021 Jan 13. Available from: <https://virological.org/t/genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-manaus-preliminary-findings/586>
  13. Umair M, Ikram A, Salman M, et al. Whole-genome sequencing of SARS-CoV-2 reveals the detection of G614 variant in Pakistan. *PLoS One*. 2021;16(3):e0248371. doi: 10.1371/journal.pone.0248371
  14. Funk T, Pharris A, Spiteri G, et al. Characteristics of SARS-CoV-2 variants of concern B.1.1.7, B.1.351 or P.1: data from seven EU/EEA countries, weeks 38/2020 to 10/2021. *Euro Surveill*. 2021;26(16):2100348. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2021.26.16.2100348
  15. Parwanto MLE, Digambiro RA, Nusantara DU, et al. Coronavirus disease 2019 (COVID-19): A case report in a patient with diabetic ketoacidosis and hypertension [Internet]. *Bali Med J*. 2020;9(3):520-526. Available from: <https://www.balimedicaljournal.org/index.php/bmj/article/view/1939>
  16. Parwanto MLE. People with Heart Disease have to be more Vigilant so as to Avoid COVID-19 [Internet]. *Health Sci J*. 2020;Sp.Iss.2(007):1-2. Available from: <https://www.hsj.gr/medicine/people-with-heart-disease-have-to-be-more-vigilant-so-as-to-avoid-covid19.php?aid=34477>
  17. Parwanto MLE, Guyansyah A. Hello Indonesia, Be Careful with COVID-19 in the Elderly with Hypertension and Diabetes Mellitus [Internet]. *Clinics Mother Child Health*. 2020;17(7):No:1000370:1-2. Available from: <https://www.longdom.org/open-access/hello-indonesia-be-careful-with-covid19-in-the-elderly-with-hypertensionand-diabetes-mellitus.pdf>