

BAB 1. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penangkaran dan peternak unggas dan burung di Indonesia cukup banyak, tingkat produksi dan konsumsi masyarakat tinggi menjadikan alasan, perlunya kesiapan masyarakat terhadap penyakit yang dapat menyerang burung dan unggas (Triyono, 2013). Penyakit Newcastle Disease atau ND merupakan penyakit populer yang disebabkan oleh bentuk virulen dari paramyxovirus dari serotipe 1 (APMV - 1) (Dimitrov *et.al.*, 2016). Sejak 1926, penyakit ini menjadi endemis dan menyebabkan kerugian besar dikarenakan angka kesakitan dan kematian tinggi mencapai 100% pada unggas dan burung (Hewajuli, 2011) selain itu penyakit ND berefek pada kesehatan manusia dan pertumbuhan sosial ekonomi selain menyebabkan malnutrisi, menurut Alexander kegiatan yang berhubungan dengan Newcastle Disease serta kontak langsung dengan indra manusia dapat menyebabkan infeksi seperti mata memerah (unilateral/ bilateral kemerahannya), lakrimasi berlebihan, edema pada kelopak mata, konjungtivitis, dan sebagainya (Alexander, 2000). Penyakit ND dapat menyerang burung dara (*Columba livia domestica*) dimana burung ini termasuk dalam burung liar yang bermigrasi dan telah dilaporkan terdapat sub-genotipe yang berhubungan dekat dengan genotipe virus ND diisolasi dari burung liar (Miller *et al.*, 2015).

Menurut Springer di Archives Virology terdapat 14 serotipe Paramyxovirus yang telah diakui, yaitu APMV - 1 sampai dengan APMV - 13 serta salmon paramyxovirus (AsaPV) (Amarasinghe *et al.*, 2017). Virus

penyebab penyakit ND adalah virus RNA beruntai tunggal dengan polaritas negatif dan beramplop yang memiliki enam protein, yaitu *nucleocapsid* (NP), *phosphoprotein* (P), matrix (M), fusion (F), hemagglutinin-neuraminidase (HN), dan RNA-directed RNA polymerase (L) (Hewajuli, 2011).

Menurut Aris Haryanto, cleavage site, aktivitas hemagglutinin neuraminidase, dan fusion glikoprotein dapat membedakan virulensi dari strain virus ND. Protein HN dan F merupakan membran glikoprotein di permukaan yang memungkinkan virus melakukan pengikatan sel dan infeksi, F dipercaya dapat menengahi fusi membran di permukaan sel maupun saat endositosis dimediasi oleh reseptor (Choi, 2010). Fusion protein menghasilkan prekursor glikoprotein, dimana sekuensing asam amino dari RT-PCR (*Reverse transcription - polimeration chain reaction*) gen F virus ND dapat membedakan patotipe virus ND dengan phenylalanin pada urutan asam amino ke 117 untuk felogenik dan mesogenik yang merupakan strain virulen penyakit ND. Sedangkan penentuan penyakit ND sulit dilakukan di lapangan oleh sebab itu penentuan patotipe virus ND dilakukan secara sederhana, cepat, dan tepat secara molekuler dengan RT-PCR pada target gen F. Selain dengan RT-PCR penentuan juga dapat dilakukan dengan MDT TAB, ICPI, dan IVPI yang membutuhkan waktu cukup lama dan sulit dilakukan (Purwaningrum, 2018). Virus ND memiliki motif 112GRQKRF117 di F2/F1 situs pembelahan protein F, beberapa virus ND menunjukkan urutan asam amino multibasa

(yaitu 112RRQKRF117) dan monobasa (yaitu 112GRQGRL117) (Meulemans, 2002; Choi,2010).

Berdasarkan virulensi, gejala klinis dan kematian burung yang terinfeksi, uji patogenitas *Mean Death Time* (MDT) dari inokulasi virus melalui alantois, IVPI, *Intracerebral Pathogenicity Index* (ICPI) pada *day old chicks* isolat virus *Newcastle Disease* dibagi menjadi patotipe felogenik, mesogenik dan lentogenik (Ezeibe, 2005) . Virus yang tergolong strain lentogenik menyebabkan infeksi pernafasan ringan; strain mesogenik menyebabkan mortalitas rendah, penyakit pernafasan akut, dan penyakit neurologi pada beberapa burung; strain felogenik dipicu mortalitas yang tinggi, terdapat dua macam penyakit ND pada strain felogenik yaitu *Neurotropic Velogenic NDV* (NVNDV) dan *Viscerotropic Velogenic NDV* (VVNDV) (Hines, 2012).

Penelitian ini mengambil sampel burung dara (*Columba livia domestica*) di daerah Surabaya non-vaksin dengan gejala penyakit ND kemudian akan dilakukan uji serta analisis sekuens nukleotida dan asam amino gen pengkode protein F di regio 1363-2130 bp dengan produk PCR 768 bp kemudian membandingkan gen pengkode protein F virus ND isolat burung dara dengan berbagai isolat burung dan unggas di wilayah lain di GenBank untuk mengetahui presentase homologi strain virus ND yang didapat. Hal tersebut dapat membantu pengembangan kandidat vaksin lokal di Indonesia.

1.2 Rumusan Masalah

1.2.1 Bagaimana sekuen nukleotida dan asam amino dari gen pengkode protein F regio 1363 - 2130 bp virus *Newcastle Diseases* isolat burung dara?

1.2.2 Bagaimana tingkat homologi gen pengkode protein F dan hubungan kekerabatan antara gen pengkode protein F virus ND isolat burung dara dengan isolat burung dan unggas wilayah lain di Genbank?

1.3 Landasan Teori

Secara etiologi agen penyebab penyakit Newcastle Disease adalah Avian Paramyxovirus serotype 1 (APMV-1). Paramyxovirus yang diisolasi dari spesies unggas di wilayah Indonesia telah diklasifikasikan berdasarkan analisis filogenetik menjadi tujuh subtipe (Martha *et.al.*, 2018) walaupun telah diklasifikasi menjadi 13 subtipe didunia. Penyakit yang sering disebut tetelo ini memiliki gejala klinis yang sulit dibedakan dengan penyakit akibat virus lain seperti Avian Influenza sehingga penting untuk menentukan teknik diagnosa penyakit ini. Amplop NDV atau *Newcastle Disease Virus* berisi dua glikoprotein transmembran yaitu HN dan Fusion Protein dimana kedua protein tersebut sangat berpengaruh terhadap penentuan virulensi karena urutan asam amino disitus pembelahan protein F menentukan tipe lentogenik, mesogenik, dan velogenik dari strain virus ND dimana semua strain lentogenik memiliki situs pembelahan monobasa dan dibelah oleh protease ekstraseluler yang terbatas pada jaringan tertentu sedangkan mesogenik dan velogenik memiliki

situs pembelahan multibasa yang cukup ganas (Panda *et.al.*, 2004). Selain itu, tingkat aktivitas fusi berbanding lurus dengan kekuatan interaksi antara perlekatan protein F dengan HN (Chang *et.al.*, 2012).

Salah satu pencegahan Penyakit ND ialah pemberian vaksin yang dimana vaksin tersebut dirancang berdasarkan pada kedekatan filogenetik dengan NDV yang terjadi selama wabah dapat memberikan kontrol NDV yang lebih baik. Protein F memainkan peran penting dalam menentukan virulensi NDV karena dapat menginduksi atau terjadi fusi sistem imun inang terhadap infeksi NDV sehingga penting untuk menentukan antigenik dan genotipik perbedaan antara isolat NDV Indonesia (Martha *et.al.*, 2018). Motif virulensi pada NDV memiliki urutan 112 R/K-R-Q-K/R-R 116 pada C - terminus protein F2 dan residu phenylalanine (F) pada posisi 117 N terminus protein F1. Dikatakan dari beberapa penelitian menunjukkan patotipe NDV dapat dilihat dari asam amino no. 112 - 117, motif cleavage site protein F0 bukan satu - satunya faktor yang menentukan virulensi NDV (Hewajuli, 2011).

1.4 Tujuan Penelitian

1.4.1 Untuk menjelaskan gen pengkode protein F regio 1363 - 2130 bp berdasarkan susunan nukleotida dan asam amino pada isolat burung dara

1.4.2 Menentukan tingkat homologi dan analisis filogenetik gen pengkode protein F dengan Virus ND isolat burung dara dengan isolat burung dan unggas wilayah lain di GenBank

1.5 Manfaat Penelitian

1.5.1 Manfaat Teoritis

Memberikan informasi mengenai perbandingan susunan nukleotida, asam amino, dan analisis filogenik gen pengkode F regio 1363 - 2130 bp pada burung dara daerah jawa timur dengan isolat virus ND pada burung burong dan unggas wilayah lain dari Genbank serta hasil dari penelitian ini diharapkan dapat dijadikan pembanding terhadap pengembangan Virus ND.

1.5.2 Manfaat Praktis

Menjadi dasar pengetahuan analisis Virus ND berdasarkan fungsi nukleotida dan asam amino serta diharapkan dari hasil penelitian ini dapat menambah bank isolat dan pembanding Virus ND di Indonesia.