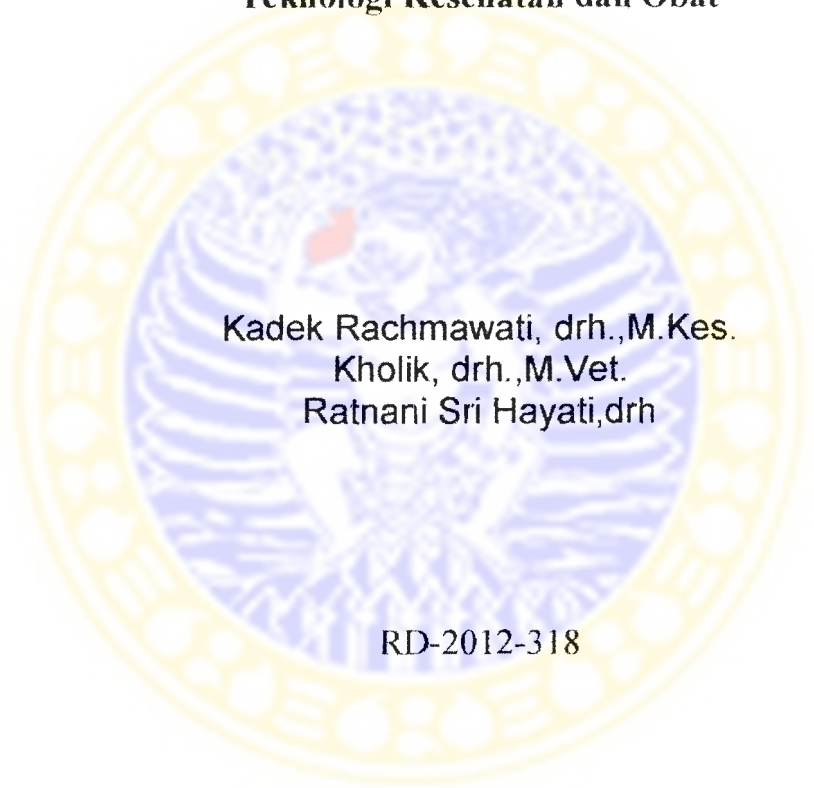


LAPORAN AKHIR
Insentif Riset SINas

Judul Topik Penelitian :

**Mekanisme Molekuler Penularan Virus Flu Burung H5N1 Dari
Manusia Ke Hewan**
(Model Transmisi Virus Flu Burung Pada Hewan Coba)

Bidang Prioritas Iptek :
Teknologi Kesehatan dan Obat



Kadek Rachmawati, drh., M.Kes.
Kholik, drh., M.Vet.
Ratnani Sri Hayati, drh

RD-2012-318

RUMAH SAKIT PUSAT TROPIK DAN INFEKSI
DIVISI INFLUENZA DAN ZONOSIS

Jalan Mulyorejo Kampus C Universitas Airlangga Surabaya 60115
Telp. 031-5992445-46/ 08123294525/kadekrachmawati@yahoo.co.id

RINGKASAN

Avian influenza adalah penyakit viral pada unggas termasuk ayam dan unggas liar yang disebabkan oleh virus influenza tipe A. Selain pada unggas, virus avian influenza dapat pula menyerang mamalia termasuk manusia. Sejak tahun 2003 virus Avian Influenza subtype H5N1 telah menyebabkan wabah Flu Burung pada unggas dari tahun ke tahun. Bahkan virus Flu Burung sudah menyebabkan kasus pada manusia, dimana tidak kurang dari 399 orang telah dilaporkan terinfeksi virus Avian Influenza subtype H5N1 dan 251 diantaranya meninggal dunia. Di Indonesia, angka orang yang terinfeksi virus Avian Influenza subtype H5N1 lebih dari 141 orang dan 115 orang diantaranya meninggal (WHO,2011). Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Nidom dkk (2006) menunjukkan kucing yang berada di pasar wilayah Surabaya telah terinfeksi oleh virus Avian Influenza subtype H5N1 dan memiliki kemungkinan sebagai hospes perantara penularan virus Avian Influenza subtype H5N1 ke manusia. Selain itu, berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Revianny (2008) ditemukan 2 virus H5N1 pada ayam di pasar Surabaya tanpa menunjukkan gejala klinis. Virus Avian Influenza subtype H5N1 yang saat ini banyak menginfeksi ayam di Indonesia termasuk dalam *subclade* 2.1.3 yang memiliki kemampuan untuk menginfeksi hewan (unggas) dan manusia.

Penelitian ini bertujuan untuk menentukan karakter molekuler virus Avian Influenza subtype H5N1 yang diisolasi dari lapangan serta menganalisis karakter molekuler genom virus Avian Influenza subtype H5N1 dan patogenisitas virus Avian Influenza subtype H5N1 yang diinfeksi pada hewan coba monyet dan ayam (model penularan virus AI H5N1 dari manusia ke hewan). Sampai dengan akhir penelitian sudah berhasil diperoleh sampel dari lapangan sebanyak 1.607 swab (865 swab ayam, 127 swab bebek, 94 swab burung puyuh, 178 swab kucing dan 343 swab babi). Hasil uji HA menunjukkan 83 sampel dari ayam dan 19 dari burung puyuh positif uji HA, sementara dari hasil uji RT-PCR ada 8 sampel dari ayam dan 1 sampel dari burung puyuh positif terhadap gen HA (H5). Berdasarkan analisis pohon filogenetik gen HA, semua virus yang diisolasi termasuk *subclade* 2.1.3. Sedangkan dari analisis pohon filogenetik gen HA, NA dan PB2, virus-virus yang berhasil diisolasi terbagi menjadi dua kelompok, dan berasal dari virus yang sudah bersirkulasi di Indonesia selama ini.

Kata Kunci :Virus , H5N1, transmisi, manusia, hewan

SUMMARY

The H5N1 avian influenza, commonly called “bird flu” is a viral disease on poultry including chickens and wild bird, caused by Influenza Virus type A. Since 2003, highly pathogenic H5N1 avian influenza viruses have caused outbreaks among poultry in Indonesia every year, producing the highest number of human victims. In Indonesia, the number of people who have been infected with H5N1 viruses were 141 cases with 115 deaths. However, little is known about the H5N1 influenza viruses that have been circulating in Indonesia in recent years. We therefore conducted surveillance studies in some province in Indonesia, including Jakarta, West Java, East Java, East Kalimantan, South Kalimantan and Riau.

The purpose of this research was to analyzed molecular characteristic of H5N1 avian influenza viruses that isolated from field, and to analyzed molecular characteristic of H5N1 avian influenza virus genome that infected to laboratory animal including monkeys and chicks. At the moment, we isolated eight H5N1 avian influenza viruses from chickens and one virus from quail. Phylogenic analysis of their hemagglutinin, neuraminidase and PB2 genes revealed that all nine viruses belonged to clade 2.1.3. However, on the basis of nucleotide differences, they could be divided into two groups. Other viruses genetically closely related to these two groups of viruses were all Indonesian isolates, suggesting that these new isolates have been evolved in Indonesia. Among these viruses, two distinct viruses circulated in the Kalimantan in the same season in 2012. Our data reveal the continued evolution of H5N1 viruses in Indonesia.

Keywords : H5N1 influenza virus, Indonesia, Phylogenic analysis, Genetic characterization