

## INTISARI

Penyakit *Infectious Bovine Rhinotracheitis* (IBR) diduga masuk ke Indonesia melalui importasi ternak, dengan ditemukan adanya kasus yang diduga IBR (IBR-like) pertama kali di Lampung Tengah pada tahun 1981. Tahun 2012 – 2014 daerah yang terdeteksi seropositif hampir menyebar di seluruh Indonesia antara lain Propinsi Sumatera Barat, Lampung, Jawa Tengah, Jawa Barat, Jawa Timur, dan Daerah Istimewa Yogyakarta (DIY). Penyakit IBR disebabkan oleh *Bovine Herpesvirus-1* (BHV-1). Berdasarkan genotipenya virus ini terbagi menjadi beberapa subtipe, antara lain subtipe 1.1; subtipe 1.2a dan subtipe 1.2b, dan 1.3 yang kemudian digolongkan menjadi BHV-5. Penyakit IBR merupakan salah satu penyakit hewan strategis di Indonesia, karena menyebabkan kerugian ekonomi yang besar di sektor peternakan. Salah satu rekomendasi untuk pemerintah dalam pengendalian penyakit IBR yaitu dengan mengembangkan vaksin IBR isolat lokal untuk mencegah *shedding* virus. Penelitian ini secara garis besar bertujuan untuk (a) mengkaraktirasi sampel yang didapatkan di Lampung dan Bukittinggi pada 2/3 gen *gD* dan “gap” pada *UL36*, untuk mendapatkan informasi mutasi dan subtipe (b) mengetahui seberapa jauh divergenitas sampel dari Indonesia dengan isolat referensi; (c) membandingkan gambaran fenotipik isolat dari Lampung dan Bukittinggi pada sel MDBK dan BHK-21. Penelitian sebelumnya melaporkan bahwa subtipe yang ditemukan di Indonesia adalah subtipe 1.1. Subtipe 1.2 memiliki virulensi lebih rendah, sehingga lebih tepat untuk dijadikan isolat vaksin. Sebanyak sepuluh sampel penelitian ini diambil dari Lampung dan Bukittinggi dengan kasus yang relatif baru. Sampel tersebut menunjukkan hasil positif dengan metode *nested* PCR. Fragment DNA di ligasikan ke dalam vektor pGEM-T dan ditransformasikan ke dalam sel kompeten *E.coli*. Sekuensing dijalankan dengan *template* plasmid yang dilinearisasi menggunakan enzim *ScaI*. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa semua sampel dari Lampung dan Bukittinggi adalah BHV-1. Enam sampel dari Lampung menunjukkan subtipe 1.1 yang dekat dengan isolat 216 II (dari India) dan hanya satu sampel (L/33) menunjukkan kedekatan dengan subtipe 1.2b (dengan strain K-22, SM023, dan SP1777, dari USA dan Eropa) berdasarkan gen *UL36*. Semua sampel ( $n=3$ ) Bukittinggi memperlihatkan kedekatan dengan subtipe 1.2b (dengan strain K-22, SM023, dan SP1777, dari USA) berdasarkan gen *UL36*. Karakterisasi berdasarkan gen *gD* memperlihatkan sampel dari daerah ini menunjukkan *clade* tersendiri dibandingkan dengan isolat dari negara lain. Gambaran fenotipik menggunakan sel MDBK menunjukkan adanya *Cytopathogenic Effect* (CPE) mulai jelas terlihat pada hari ke-2 dan ke-3 dengan adanya *grape like cluster*. *Cytopathogenic Effect* pada sel BHK-21 memperlihatkan perbedaan bentuk sel antara sampel yang memiliki kedekatan dengan subtipe 1.1 dan subtipe 1.2. Bentuk sinsitium dan plak pada sel MDBK dan BHK-21 dari kedua subtipe tersebut tidak menunjukkan perbedaan yang signifikan. Data yang diperoleh dari penelitian ini menunjukkan bahwa BHV-1 yang ditemukan di Indonesia mengalami seleksi alami dan mutasi titik pada gen glikoprotein D dan gen *UL36*. Sampel L/33 merupakan kandidat vaksin yang baik.

Kata kunci : IBR, BHV-1, subtipe 1.1, subtipe 1.2b, *gD*, *UL36*, MDBK, BHK-21

## ABSTRACT

*Infectious Bovine Rhinotracheitis* (IBR) disease is expected to enter Indonesia through cattle importation from abroad. The first IBR suspected cases (IBR-like) occurred in Central Lampung region in 1981. In 2012-2014 positive serology was detected in almost all areas across Indonesia, such as West Sumatra Province, Lampung, Central Java, West Java, East Java, and Special District of Yogyakarta (DIY). IBR caused by Bovine Herpesvirus-1 (BHV-1). Based on the genotype, this virus divided into several subtypes, including subtype 1.1; subtype 1.2a; subtype 1.2b and BHV-1.3 which are then grouped into BHV-5. IBR is one of the strategic animal diseases in Indonesia because it causes substantial economic losses in the livestock sector. One of the recommendations for the government in controlling the IBR disease is to develop an IBR vaccine from local isolates to prevent virus shedding. The study aims were (a) to characterize the samples obtained in Lampung and Bukittinggi on 2/3 *gD* gene and "gap" on *UL36* gene to observe the mutation and subtypes characterization; (b) to compare the genetic distances between samples and the reference strain on *gD* and *UL36* genes; and (c) comparing phenotypes images of isolates from Lampung and Bukittinggi in MDBK and BHK-21 cells. Previous research reported that the subtypes found in Indonesia were subtype 1.1. The subtype 1.2b is less virulent and pathogenicity than the subtype 1.1, so it is more appropriate to be used as a vaccine's isolates. Ten samples consist of nasal swabs and tracheal sections from Lampung and Bukittinggi were used in this study with relatively new cases. These samples showed positive results using nested PCR method. The DNA fragment was ligated into the pGEM-T vector system and transformed into *E.coli* competent cell. Sequencing was carried out with a plasmid template linearized using the *ScaI* enzyme. The result of this study indicated that all samples from Indonesia are BHV-1. Samples (n=6) from Lampung showed as subtype 1.1 which were close to 216 II isolates (a strain from India), and only sample L/33 (n=1) showed similarity to subtype 1.2b (strain K-22, SM023, and SP1777, from USA) based on *UL36* gene. All samples from Bukittinggi (n=3) showed similarity to subtype 1.2b (strains K-22, SM023, and SP1777, from the USA/Europe) based on the *UL36* gene. However, based on the *gD* gene, all Indonesian samples were grouped as specific clades compared to isolates from other countries. The Cytopathogenic effects (CPE) seen on day 2 and 3 as a grape-like cluster. The CPE observed on BHK-21 cells showed differences in cell shape between samples that have proximity to subtype 1.1 and subtype 1.2. The form of syncytium and plaque in MDBK and BHK-21 cell from the two subtypes did not show significant differences. All data obtained from this study indicate that BHV-1 found in Indonesia undergoes point mutation and natural selection. The L/33 assumed as a good vaccine candidate.

**Keywords :** IBR, BHV-1, subtype 1.1, subtype 1.2b, *gD*, *UL36*, MDBK, BHK-21