

**DETEKSI DAN KARAKTERISASI MOLEKULER FRAGMEN GEN HA
VIRUS AVIAN INFLUENZA SUBTIPE H9N2
YANG DIISOLASI DARI LINGKUNGAN
PASAR UNGGAS HIDUP WILAYAH JABODETABEK**

**Niken Respati Maharani
19/448625/PKH/00710**

Intisari

Avian Influenza adalah penyakit viral pada unggas dan juga unggas liar yang disebabkan oleh Virus Influenza Type A. Subtipe H9N2 telah menjadi subtipe paling umum dari *Low Pathogenic Avian Influenza (LPAI)* pada unggas yang dapat menginfeksi manusia. Salah satu faktor penting pemicu terjadinya pandemi AI adalah perdagangan unggas hidup di pasar tradisional (*live bird market/LBM*). Virus H9N2 berperan sebagai donor gen internal pada subtipe lainnya yaitu, H5N1, H5N2, H7N9, dan H10N8, pada unggas dan manusia. Penelitian mengenai keberadaan virus AI pada lingkungan perlu dilakukan. Penelitian ini menggunakan isolat milik Balai Veteriner Subang dari sampel *swab* lingkungan pasar unggas hidup wilayah Jabodetabek Jakarta, Bogor, Depok, Tangerang, dan Bekasi (Jabodetabek) tahun 2019. Berdasarkan deteksi molekuler menggunakan *Polymerase chain reaction (PCR)*, diketahui bahwa *Avian Influenza* subtipe H9N2 terdeteksi pada isolat penelitian. Hal tersebut mengindikasikan bahwa LBM berpotensi sebagai sumber penyebaran virus AI H9N2. Pola susunan asam amino *cleavage site* yaitu PSRSSR↓GLF menunjukkan bahwa sampel penelitian termasuk dalam *Low Pathogenic AI*. Namun, adanya penambahan *potential glycosilation site* (PGS) yang lokasinya berdekatan dengan *receptor binding site* meningkatkan potensi virus untuk beradaptasi pada hospes baru. Berdasarkan analisis genetik dan topografi filogenetiknya, virus tersebut termasuk dalam CVI (China, Vietnam, Indonesia) *lineage* dan *subclade* H9.4.2.5. Hal tersebut menunjukkan bahwa virus AI H9N2 yang beredar di Indonesia merupakan virus yang bersirkulasi dari wilayah China dan Vietnam.

Kata Kunci : Virus Avian Influenza (VAI), Gen HA, subtipe H9N2, LBM, sekuensing

**DETECTION AND MOLECULAR CHARACTERIZATION HA GENE
FRAGMENT OF H9N2 AVIAN INFLUENZA VIRUS
ISOLATED FROM LIVE BIRD MARKET ENVIRONMENT
IN THE GREATER JAKARTA AREA**

**Niken Respati Maharani
19/448625/PKH/00710**

Abstract

Avian Influenza is a viral disease in poultry as well as wild poultry caused by Influenza Type A Virus. H9N2 has become the most common subtype of Low Pathogenic Avian Influenza (LPAI) in poultry and shows the ability to infect humans. One of the important factors triggering the virus pandemic is live bird market. The virus acts as an internal gene donor in other subtypes, namely, H5N1, H5N2, H7N9, and H10N8, in poultry and humans. Research on the presence of the AI virus in the environment needs to be done. This study used Disease Investigation Center (DIC) Subang isolates from environmental samples of live bird markets in the Greater Jakarta area (DKI Jakarta, Bogor, Depok, Tangerang, and Bekasi) in 2019. Based on molecular detection using PCR (Polymerase chain reaction), it was found that Avian Influenza subtype H9N2 was detected. This indicates that LBM has the potential to be the source of the spread of H9N2 virus. The pattern of amino acid cleavage site, namely PSRSSR ↓ GLF, indicates that the research sample belongs to the Low Pathogenic AI. However, the addition of a potential glycosilation site (PGS) which is located close to the receptor binding site increases the potential for the virus to adapt to a new host. Based on genetic analysis and phylogenetic topography, the virus is included in the CVI (China, Vietnam, Indonesia) lineage and H9.4.2.5 subclade. This shows that the virus circulating in Indonesia is coming from China and Vietnam.

Keywords: Avian Influenza Virus (AIV), HA (Hemagglutinin) gene, H9N2 subtype, LBM, sequencing