

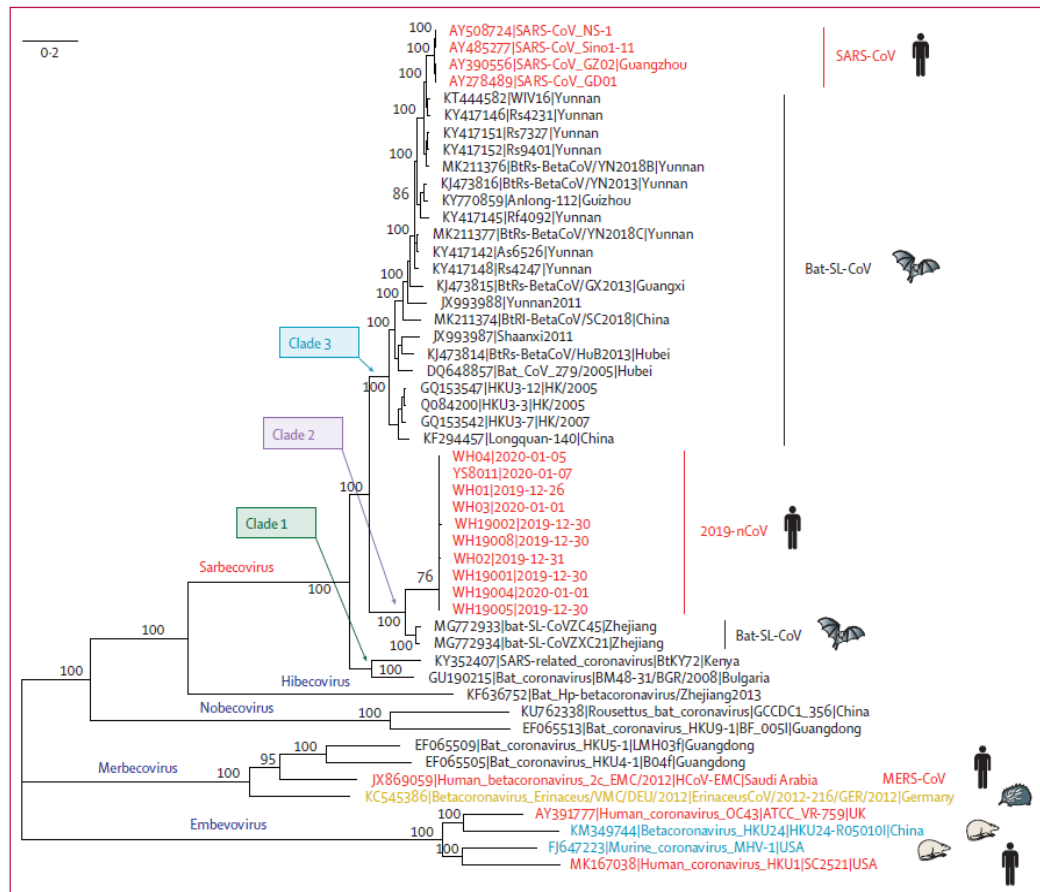
## **BAB I**

### **LATAR BELAKANG**

*Novel Coronavirus* (2019-nCoV) yang menyebabkan kluster pneumonia dilaporkan oleh beberapa fasilitas kesehatan lokal di kota Wuhan, provinsi Hubei, China pada akhir Desember 2019 (Zhu *et al.*, 2020). Sebanyak 41 pasien pertama yang didiagnosis dengan wabah tersebut mengalami beragam gejala dari asimtomatik hingga pneumonia berat, bahkan kematian dan mengalami gejala umum seperti demam, batuk, mialgia atau kelelahan, sakit kepala, hemoptisis, dan diare (Huang *et al.*, 2020). Kemiripan gejala tersebut mengarah pada surveillans yang dilakukan oleh rumah sakit lokal yang disebut "*pneumonia of unknown etiology*" yang melaporkan empat kasus pertama terkait dengan pasar makanan laut Huanan dan grosir hewan hidup yang berlokasi di Wuhan (Chan *et al.*, 2020).

Hasil dari sepuluh identitas sekuens genom 2019-nCoV memiliki kemiripan yang erat dengan dua CoV mirip sindrom pernafasan akut (SARS) yang diturunkan dari kelelawar termasuk kelelawar-SL-CoVZC45 dan kelelawar-SL-CoVZXC21, yang ditemukan pada tahun 2018 di Zhoushan, Cina (Lu *et al.*, 2020). Selain itu, analisis filogenetik mengungkapkan 2019-nCoV termasuk dalam sub genus *Sarbecovirus* dan genus *Betacoronavirus* yang memiliki kedekatan dengan kelelawar-SL-CoVZC45 dan kelelawar-SL-CoVZXC21 (Lu *et al.*, 2020). Meskipun kelelawar mungkin merupakan inang asli virus tersebut, hewan yang dijual di pasar Huanan di Wuhan mungkin merupakan inang perantara yang memfasilitasi munculnya virus pada manusia (Zhou *et al.*, 2020). Meskipun demikian, kesamaan data dari SARS-CoV *receptor-binding domain* (RBD) dengan

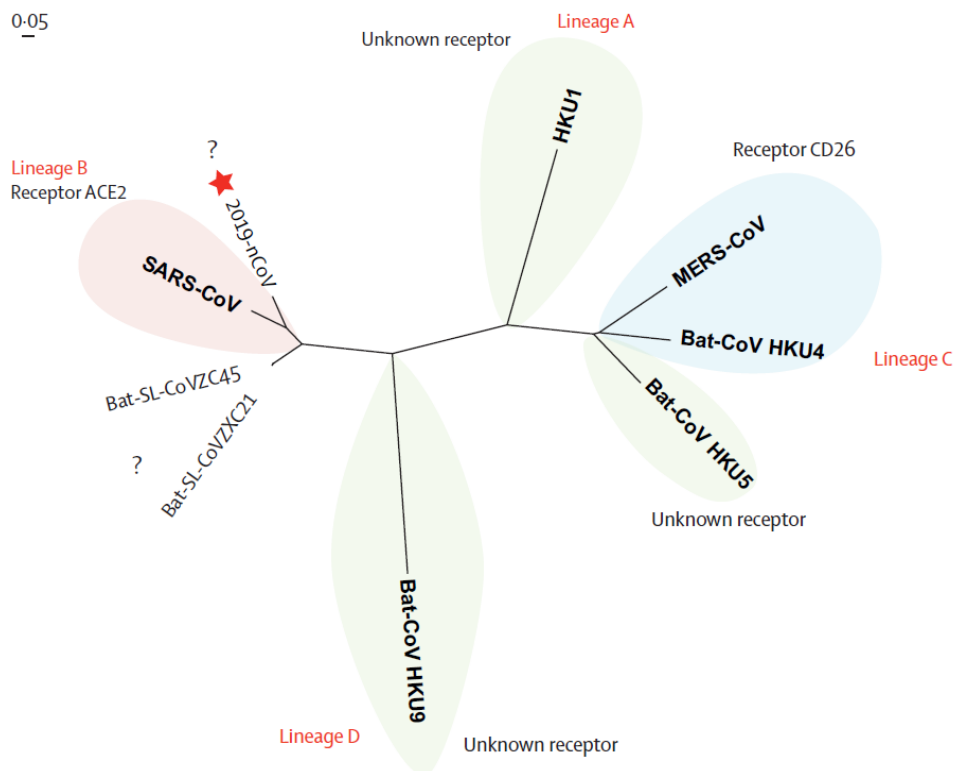
nCoV-2019 dan berdasarkan taksonomi dan analisis filogenetik 2019-nCoV, *Coronaviridae Study Group* (CSG) menetapkan 2019-nCoV sebagai SARS-CoV2 (Lu *et al.*, 2020 dan CSG, 2020).



**Gambar 1:** Analisis filogenetik dari genus Betacoronavirus yang terkait dengan SARS-CoV2 (2019-nCoV). SARS-CoV2 termasuk dalam sub genus Sarbecovirus dalam klade yang sama dengan SARS-CoV (Lu *et al.*, 2020).

SARS-CoV-2 kemudian menyebar luas dari manusia ke manusia melalui penularan dalam keluarga, rumah sakit, dan pelancong dari berbagai wilayah geografis (Chan *et al.*, 2020). Per 10 Maret 2020, 113.702 kasus SARS-CoV-2 dari 109 negara diterbitkan oleh *World Health Organization* dan data menunjukkan tingkat infektivitas yang berbeda dengan dua wabah CoV sebelumnya bernama

SARS dan sindrom *middle east severe acute respiratory syndrome* (MERS) yang melibatkan 33 negara untuk SARS dan 27 negara untuk MERS (Gabutti *et al.*, 2020). Pengikatan afinitas SARS-CoV-2 yang lebih tinggi dibandingkan dengan SARS-CoV RBD terhadap ACE2, menunjukkan kemungkinan penyebab cepatnya infektivitas virus (Tai *et al.*, 2020).



**Gambar 2:** Analisis filogenetik menunjukkan hasil bahwa 2019-nCoV lebih dekat dengan bat-SL-CoVZC45 dan bat-SL-CoVZXC21 di seluruh tingkat genom tetapi RBD-nya diklasifikasikan dalam lineage B dan lebih dekat ke SARS-CoV (Walls *et al.*, 2020).

PCR real-time menunjukkan bahwa *ACE2* mRNA banyak ditemukan di jaringan manusia, tetapi hanya yang fungsional yang memiliki kemampuan untuk menginfeksi sel (Hamming *et al.*, 2004). Karena mengidentifikasi kemungkinan rute memiliki peran penting dalam memahami manifestasi klinis dan pengobatan

SARS-CoV-2, pemahaman lebih lanjut tentang reseptor fungsional spesifik virus ini sangat diperlukan.