

Surveilans Influenza Babi (*Swine Influenza*) di Sumatera Utara Tahun 2017-2018

Faisal¹, Gantiah¹, Riza Afandi¹, Mamik Rahayu¹, Farida Zainal², Caraka Satrija²

¹Balai Veteriner Medan, ²FAO ECTAD Indonesia

Corresponding author: faisal.dvm@gmail.com

ABSTRAK

Program surveilans virus influenza babi (*swine influenza virus/SIV*) dilaksanakan oleh kolaborasi antara Direktorat Jenderal Peternakan dan Kesehatan Hewan (Ditjen PKH–Kementan) dan FAO ECTAD Indonesia pada tahun 2017 hingga 2018. Program surveilans ini dimulai di Provinsi Sumatera Utara pada tahun 2017 dan diperluas ke Provinsi lain. Secara keseluruhan, sebanyak 1 328 sampel serum dan 820 sampel swab berhasil dikoleksi di Provinsi Sumatera Utara pada tahun 2017 dan 2018. Secara keseluruhan, sebanyak 1 328 sampel serum dan 820 sampel swab berhasil dikoleksi di Provinsi Sumatera Utara pada tahun 2017 dan 2018. Pola hasil uji serologis dan PCR pada program surveilans SIV di Provinsi Sumatera Utara, menunjukkan adanya pengaruh cuaca musiman terhadap prevalensi kedua variabel tersebut. Pola tersebut juga menunjukkan kecenderungan SIV telah menjadi penyakit endemik di area surveilans. Prevalensi SIV relatif lebih tinggi di Provinsi Sumatera Utara (Sumatera Utara: seropositif 17.3%, PCR positif 1.3%). Hasil uji qRT-PCR H1N1 dan karakterisasi genetik pada sampel PCR positif menunjukkan bahwa virus yang terdeteksi tergolong virus H1N1 klasik. Virus isolat lapang dari peternakan babi di Kota Medan (A/swine/Medan/A01180154/2018) ini merupakan bagian dari clade 1A.3.3.2 yang memiliki kekerabatan homologi HA yang rendah dengan virus H1N1 G4-EA dari Tiongkok yang merupakan bagian dari 1C.2.3. Struktur genomik virus isolat ini jauh berbeda dengan virus H1N1 G4-EA. Oleh sebab itu, dapat disimpulkan bahwa saat ini tidak ada indikasi sirkulasi virus H1N1 G4-EA di Indonesia, khususnya di Kota Medan, Sumatera Utara.

Kata Kunci: Swine Influenza, Sumatera Utara, H1N1

PENDAHULUAN

Influenza babi (*swine influenza*) merupakan infeksi yang disebabkan oleh virus yang tergolong kelompok virus influenza babi (*swine influenza virus/SIV*). Kelompok virus yang endemik pada babi ini terdiri atas kelompok virus Influenza tipe C dan sebagian sub tipe dari kelompok virus Influenza tipe A yaitu H1N1, H1N2, H2N1, H3N1, H3N2, dan H2N3 (Chandra dan Bisht, 2010). Infeksi SIV pada babi dapat memicu kerugian ekonomis pada peternakan babi komersial akibat tingkat kesakitan (morbiditas) yang tinggi (Reeth *et al.*, 2012). Kejadian infeksi SIV pada babi umum terjadi. Meskipun penularan dari babi ke manusia umumnya tidak menyebabkan gejala pada manusia, beberapa strain SIV yang bersifat zoonotik dapat menyebabkan infeksi yang parah dan menyebar luas di manusia.

Salah satu contoh terkini terjadinya wabah flu babi zoonotik di manusia terjadi pada pandemi influenza 2009 di mana virus H1N1 zoonotik menginfeksi 11% – 21% populasi dunia (700 juta hingga 1.4 miliar jiwa dari total populasi 6.8 miliar jiwa) dan membunuh antara 151 700 hingga 575 000 jiwa (Kelly *et al.*, 2011; Dawood *et al.*, 2012). Virus penyebab pandemi ini merupakan hasil campuran antara virus flu babi Amerika Utara dengan virus flu babi Eurasia. Virus flu babi Amerika Utara telah berpindah antara unggas, manusia, dan babi sedangkan virus flu babi Eurasia telah bersirkulasi di babi selama lebih dari 10 tahun di Meksiko sebelum berpindah ke manusia dan menyebar ke seluruh dunia. Perpindahan inter-spesies virus dari satu inang ke inang lain di tempat yang berbeda terkait erat dengan perdagangan global komoditas asal babi dan unggas serta terjadinya interaksi ketiga jenis inang tersebut (Mena *et al.*, 2016). Contoh tersebut menunjukkan secara nyata bahwa perhatian khusus perlu diberikan untuk mencegah terjadinya perpindahan SIV zoonotik dari populasi babi ke manusia.

Salah satu komponen kunci dalam pencegahan pandemi SIV adalah usaha surveilans yang berfokus pada identifikasi cepat strain baru di manusia serta usaha untuk meminimalisasi kemungkinan terjadinya infeksi lintas spesies (Rewar *et al.*, 2015). Oleh sebab itu, kegiatan pendukung dalam bentuk surveilans SIV pada babi sangat dibutuhkan untuk digunakan sebagai basis untuk identifikasi cepat strain baru di manusia. Program surveilans SIV dilaksanakan oleh kolaborasi

antara Direktorat Jenderal Peternakan dan Kesehatan Hewan (Ditjen PKH–Kementan) dan FAO ECTAD Indonesia pada tahun 2017 hingga 2018. Program surveilans ini menggunakan pendekatan longitudinal dan metode surveilans berbasis risiko. Target area surveilans ini adalah Provinsi Sumatera Utara.

MATERI DAN METODE

Program surveilans SIV menggunakan pendekatan longitudinal dan surveilans berbasis risiko untuk mendeteksi dan mengidentifikasi targetnya. Surveilans ini dilaksanakan di peternakan babi berisiko tinggi terinfeksi virus influenza. Oleh sebab itu, sejumlah faktor risiko diperhatikan guna menentukan area target surveilans. Kriteria tersebut antara lain adalah kepadatan populasi babi yang tinggi serta keberadaan interaksi antara pemukiman manusia, peternakan babi, dan peternakan unggas. Berdasarkan rangkaian kriteria ini, sejumlah lokasi dipilih sebagai lokasi profiling dan koleksi sampel. Profiling dan koleksi sampel di Provinsi Sumatera Utara dilaksanakan di Kabupaten Deli Serdang, Kabupaten Serdang Bedagai, Kota Binjai, Kabupaten Langkat, and Kota Medan. Selain itu, Kabupaten Asahan dan Kabupaten Simalungun ditambahkan pada surveilans periode 2018.

Kegiatan profiling dilakukan untuk menilai factor risiko yang hadir lokasi surveilans. Informasi seperti biodata pemilik, aktivitas perdagangan, program pembiakan babi, manajemen Kesehatan babi, dan koordinat lokasi dikumpulkan selama kegiatan ini. Di sisi lain, sampel untuk analisis laboratorium (uji serologis dan PCR) dikoleksi dari hewan hidup. Sampel PCR terdiri atas sampel swab yang dikoleksi secara kolektif (*pooled*) sedangkan sampel uji serologis terdiri atas sampel serum yang dikoleksi secara individual. Pada surveilans periode 2017, koleksi sampel dilakukan dua kali dalam setahun mengikuti kejadian flu musiman (*seasonal influenza*) yaitu pada bulan Maret–April (fase 1/musim kemarau) dan Oktober–November (fase 2/musim hujan). Pada surveilans periode 2018, koleksi sampel hanya dilakukan sekali pada bulan Oktober–November.

Analisis laboratorium yang digunakan untuk mendeteksi SIV terdiri atas uji serologis (ELISA) dan uji molekuler (PCR). Koleksi sampel untuk identifikasi virus sebaiknya dilakukan 24–48 jam setelah munculnya gejala klinis. Babi yang menjadi target memiliki gejala klinis berupa depresi, lemas, peningkatan suhu. Virus dapat terdeteksi dengan mudah di paru dan saluran hidung tetapi swab pada saluran hidung lebih disarankan untuk digunakan sebagai metode koleksi.

Metode uji serologis yang digunakan adalah ELISA yang menggunakan IDEXX ELISA. Metode PCR yang digunakan adalah qRT-PCR (*Quantitative Reverse Transcription PCR*). Uji ini menggunakan MA-20F Fwd untuk tahap *forward*, MA-140R Rev untuk tahap *reverse*, dan IVA-MA Probe sebagai *probes*. Sampel yang terdeteksi PCR positif SIV kemudian diisolasi menggunakan RNeasy Mini Kits (Qiagen) mengikuti prosedur manual yang disediakan produsen. Hasil profiling dan analisis laboratorium selanjutnya dianalisis secara statistik guna menilai korelasi hasil uji dengan factor risiko. Seluruh kegiatan ini dilaksanakan oleh petugas peternakan dan kesehatan hewan dan Balai Veteriner Medan.

Analisis tambahan ini berupa isolasi dan karakterisasi virus dilakukan terhadap sampel PCR positif yang dikoleksi di Provinsi Sumatera Utara oleh BVet Medan. Hal ini merupakan respon terhadap munculnya genotype baru Influenza A (H1N1) dari babi yang baru-baru ini ditemukan di Tiongkok. Genotipe baru (G4-EA) ini merupakan hasil campuran dari beberapa galur (*lineage*) virus yaitu virus Eurasia (*Eurasian avian-like* atau EA), 2009 *pandemic virus lineage* (pdm09), dan *North American triple-reassortant* (TR). Virus G4-EA memiliki potensi pemicu pandemi influenza baru. Hal ini berdasarkan hasil karakterisasi yang menunjukkan bahwa virus ini memiliki afinitas yang lebih tinggi untuk mengenali reseptor virus Influenza A (IAV) di sel manusia (SA- α 2,6-Gal) dibandingkan dengan reseptor pada sel unggas (SA- α 2,3-Gal). Hal ini menunjukkan, setidaknya pada level *in-vitro*, bahwa virus G4-EA dapat bereplikasi dengan mudah di sel epitelial saluran pernapasan manusia (Sun *et al.*, 2020).

Karakterisasi virus menggunakan teknik *Next Generation Sequencing* (NGS). Hasil NGS dianalisis untuk mendapatkan seluruh rangkaian asam nukleat dari genom virus dan dilanjutkan dengan analisis susunan genomik. Analisis filogenetik dilakukan terhadap seluruh segmen (8 segmen) genom virus guna mencari hubungan genetik dan menilai terjadinya *reassortment* antara

jenis virus Influenza yang berbeda. Pohon filogenetik direka menggunakan jarak genetic yang dihitung menggunakan metode *Neighbor-Joining*. Topologi genetic virus divisualisasikan dalam bentuk diagram kotak (*rectangular tree layout*) dan diagram bunga es (*polar tree layout*). Analisis evolusi dilaksanakan menggunakan perangkat lunak (*software*) MEGA X. Karakterisasi virus dilaksanakan oleh BVet Wates.

HASIL

1. Surveilans Periode 2017

Surveilans periode 2017 dilaksanakan di Kabupaten Deli Serdang, Kabupaten Serdang Bedagai, Kota Binjai, Kabupaten Langkat, and Kota Medan, Provinsi Sumatera Utara. Sampel berupa serum darah dan swab dikoleksi dari babi di peternakan babi, pengepul babi, dan RPB. Sebanyak 669 sampel serum dan 374 sampel swab berhasil dikoleksi selama surveilans periode 2017 (Tabel 1).

Tabel 1. Jumlah sampel yang dikoleksi di kota/kabupaten selama surveilans periode 2017

Kota/Kabupaten	Sampel Serum			Sampel Swab		
	Fase 1	Fase 2	Total	Fase 1	Fase 2	Total
Deli Serdang	126	63	189	64	52	116
Serdang Bedagai	45	35	80	21	39	60
Binjai	13	12	25	5	10	15
Langkat	96	104	200	48	49	97
Medan	83	92	175	40	46	86
Total	363	306	669	178	196	374

A. Hasil Uji Serologis

Hasil uji serologis terhadap sampel serum yang dikoleksi menunjukkan bahwa 12.7% (85) dari seluruh sampel yang dikoleksi terdeteksi seropositif Influenza A. Sampel seropositif berasal dari Kabupaten Deli Serdang, Kabupaten Langkat, dan Kota Medan dengan prevalensi masing-masing 17.5% (33), 1% (2), dan 28.6% (50). Sampel seropositif di Kabupaten Deli Serdang dan Kota Medan terdeteksi di kedua fase sedangkan sampel seropositif di Kabupaten Langkat hanya terdeteksi pada fase 1 (Tabel 2).

Tabel 2. Sampel seropositif SIV di setiap kota/kabupaten selama surveilans periode 2017

Kota/ Kabupaten	Fase 1			Fase 2			Total 2017		
	Jumlah Sampel	Jumlah (+)	% (+)	Jumlah Sampel	Jumlah (+)	% (+)	Jumlah Sampel	Jumlah (+)	% (+)
Deli Serdang	126	10	7.9%	63	23	36.5%	189	33	17.5%
S. Bedagai	45	0	0.0%	35	0	0.0%	80	0	0.0%
Binjai	13	0	0.0%	12	0	0.0%	25	0	0.0%
Langkat	96	2	2.1%	104	0	0.0%	200	2	1.0%
Medan	83	0	0.0%	92	50	54.3%	175	50	28.6%
Total	363	12	3.3%	306	73	23.9%	669	85	12.7%

B. Hasil Uji PCR

Hasil uji PCR terhadap sampel swab yang dikoleksi menunjukkan bahwa 5.1% (19) dari seluruh sampel yang dikoleksi terdeteksi PCR positif Influenza A. Sampel PCR positif berasal dari Kabupaten Deli Serdang, Kota Binjai, Kabupaten Langkat, dan Kota Medan dengan prevalensi masing-masing 3.4% (4), 13.3% (2), 1% (1), dan 14% (12).

Tabel 3. Sampel PCR positif SIV di setiap kota/kabupaten selama surveilans periode 2017

Kota/ Kabupaten	Fase 1			Fase 2			Total 2017		
	Jumlah Sampel	Jumlah (+)	% (+)	Jumlah Sampel	Jumlah (+)	% (+)	Jumlah Sampel	Jumlah (+)	% (+)
Deli Serdang	64	3	4.7%	52	1	1.9%	116	4	3.4%
S.Bedagai	21	0	0.0%	39	0	0.0%	60	0	0.0%
Binjai	5	0	0.0%	10	2	20.0%	15	2	13.3%
Langkat	48	0	0.0%	49	1	2.0%	97	1	1.0%
Medan	40	2	5.0%	46	10	21.7%	86	12	14.0%
Total	178	5	2.8%	196	14	7.1%	374	19	5.1%

PCR positif di Kabupaten Deli Serdang dan Kota Medan terdeteksi di kedua fase sedangkan sampel PCR positif di Kota Binjai dan Kabupaten Langkat hanya terdeteksi pada fase 1 (Tabel 3).

2. Surveilans Periode 2018

Pada surveilans periode 2018, terjadi perluasan area surveilans program ini. Di Provinsi Sumatera Utara, koleksi sampel dilaksanakan di 17 kota/kabupaten dengan total jumlah sampel yang dikoleksi sebanyak 659 sampel serum dan 446 sampel swab (Tabel 4).

Tabel 4. Jumlah sampel yang dikoleksi di setiap kota/kabupaten di Provinsi Sumatera Utara selama surveilans periode 2018

Kota/Kabupaten	Sampel Serum	Sampel Swab
Asahan	85	38
Batu Bara	0	10
Binjal	24	11
Dairi	0	14
Deli Serdang	149	70
Karo	0	15
Langkat	189	67
Medan	158	90
Pakpak Barat	0	7
Samosir	0	14
Serdang Berdagai	25	30
Sibolga	0	11
Simalungun	29	14
Tanjung Balai	0	10
Tapanuli Tengah	0	15
Tapanuli Utara	0	17
Samosir	0	13
Total	659	446

A. Hasil Uji Serologis

Hasil uji serologis sampel dari Provinsi Sumatera Utara menunjukkan bahwa 17.3% (114) dari seluruh sampel yang dikoleksi terdeteksi seropositif Influenza A. Sampel seropositif terdeteksi di semua kota/kabupaten kecuali Kabupaten Serdang Berdagai (Tabel 5).

Tabel 5. Sampel seropositif SIV di setiap kota/kabupaten di Provinsi Sumatera Utara selama surveilans periode 2018

Kota/Kabupaten	Jumlah Sampel Total	Jumlah (+)	% (+)
Asahan	85	11	12.9%
Deli Serdang	149	35	23.5%
Serdang Bedagai	25	0	0.0%
Binjai	24	4	16.7%
Langkat	189	27	14.3%
Medan	158	29	18.4%
Simalungun	29	8	27.6%
Total	659	114	17.3%

B. Hasil Uji PCR

Hasil uji qRT-PCR sampel dari Provinsi Sumatera Utara menunjukkan bahwa 1.3% (6) dari seluruh sampel yang dikoleksi terdeteksi PCR positif Influenza A. Semua sampel PCR positif berasal dari Kota Medan (Tabel 6).

Tabel 6. Sampel PCR positif SIV di setiap kota/kabupaten di Provinsi Sumatera Utara selama surveilans periode 2018

Kota/Kabupaten	Jumlah Sampel	Jumlah	%
	Total	.(+)	(+)
Asahan	38	0	0.0%
Batu Bara	10	0	0.0%
Binjal	11	0	0.0%
Dairi	14	0	0.0%
Deli Serdang	70	0	0.0%
Karo	15	0	0.0%
Langkat	67	0	0.0%
Medan	90	6	6.7%
Pakpak Barat	7	0	0.0%
Samosir	14	0	0.0%
Serdang Berdagai	30	0	0.0%
Sibolga	11	0	0.0%
Simalungun	14	0	0.0%
Tanjung Balai	10	0	0.0%
Tapanuli Tengah	15	0	0.0%
Tapanuli Utara	17	0	0.0%
Samosir	13	0	0.0%
Total	446	6	1.3%

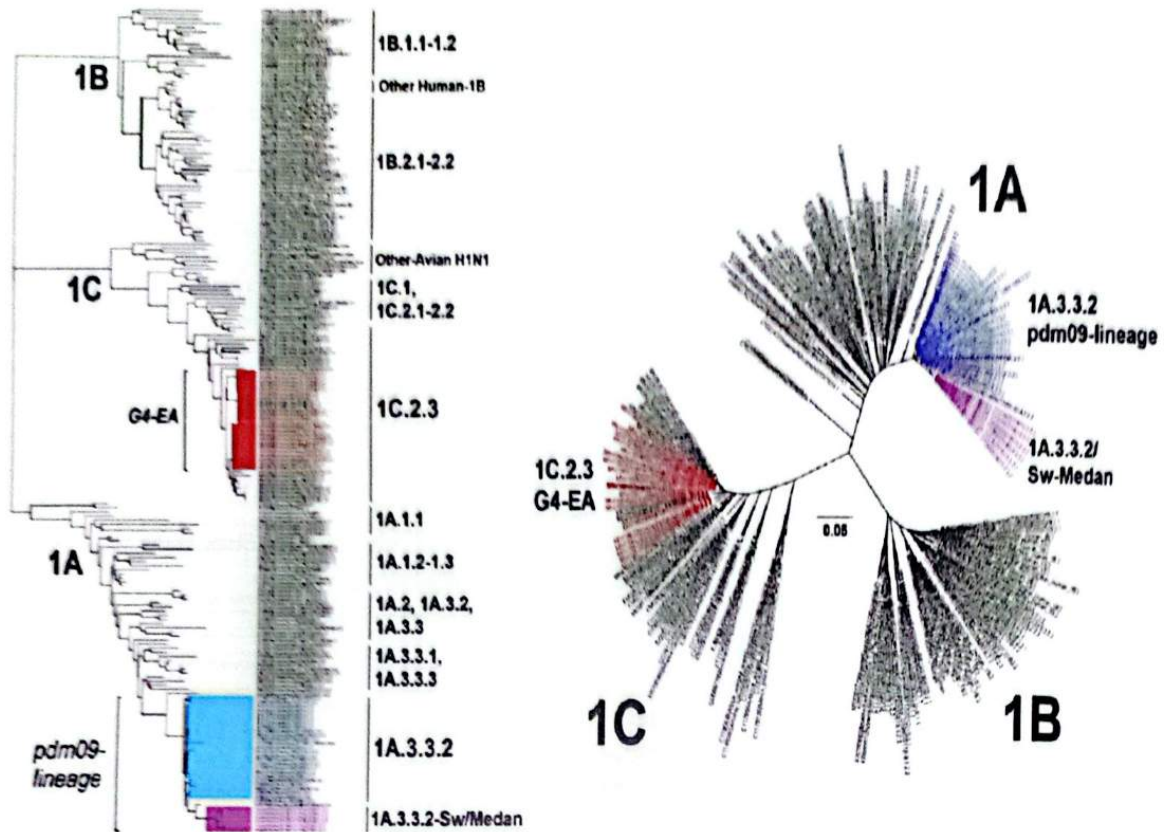
C. Isolasi Virus dan Karakterisasi Genetik

Lima isolat lapang dikoleksi dari Kota Medan pada surveilans periode 2018 (Tabel 7). Kelima isolate ini memiliki Ct PCR yang lebih besar dari 27 dan selanjutnya dikirim ke BVet Wates untuk dilakukan karakterisasi genom menggunakan menggunakan teknik *Next Generation Sequencing* (NGS).

Tabel 7. Asal geografis dan tipe SIV yang diisolasi di Provinsi Sumatera Utara pada surveilans periode 2017–2018

No. Isolat	Isolat Lapang SIV		
	Sample ID No.	Asal Geografis	Tipe
1	A/Swine/Medan/A01180154-TP2A/2018	Medan Kota	H1N1 Klasik
2	A/Swine/Medan/A01180154-TP24A/2018	Medan Kota	H1N1 Klasik
3	A/Swine/Medan/A01180154-TP28B/2018	Medan Kota	H1N1 Klasik
4	A/Swine/Medan/A01180154-TP34A/2018	Medan Kota	H1N1 Klasik
5	A/Swine/Medan/A01180154-TP35B/2018	Medan Kota	H1N1 Klasik

Homologi sekuen gen HA berkisar antara 98–100%. Analisis filogenetik dilakukan terhadap salah satu sekuen untuk dijadikan model analisis. Hasil analisis filogenetik gen HA menunjukkan bahwa virus H1N1 dari isolat A/swine/Medan/A01180154/2018 tergolong clade 1A.3.3.2. Dengan demikian, secara genetik virus ini tidak berkerabat dekat dengan virus G4-EA yang tergolong clade 1C.2.3 (Gambar 1).



Gambar 1. Hasil analisis filogenetik virus H1N1 yang diisolasi dari peternakan babi di Kota Medan, Sumatera Utara dibandingkan dengan virus G4-EA. Topologi genetik virus divisualisasikan dalam bentuk *rectangular tree layout* (a) dan *polar tree layout*

PEMBAHASAN

Hasil analisis laboratorium terhadap sampel yang dikoleksi menunjukkan adanya pengaruh perubahan cuaca musiman terhadap prevalensi seropositif dan PCR positif SIV. Prevalensi kedua variabel ini lebih tinggi pada musim hujan (musim hujan: seropositif 23.9%, PCR positif 7.1%; musim kemarau: seropositif 3.3%, PCR positif 2.8%) dikarenakan turunnya kekebalan inang pada musim tersebut. Hal ini terkait menurunnya asupan vitamin D yang terkait dengan paparan sinar matahari yang lebih rendah pada musim hujan. Kelembapan yang lebih tinggi pada musim hujan juga meningkatkan ketahanan SIV di lingkungan (Sooryanarain dan Elankumaran, 2015).

Perbandingan hasil surveilans di Provinsi Sumatera Utara antara tahun 2017 dan 2018 juga menunjukkan adanya peningkatan prevalensi seropositif SIV dari 12.7% menjadi 17.3% yang disertai penurunan prevalensi PCR positif dari 5.1% menjadi 1.3%. Hal ini mengindikasikan penurunan tingkat infeksi yang disebabkan oleh peningkatan kekebalan inang terhadap penyakit tersebut. Fenomena ini kemungkinan besar dipicu oleh kejadian wabah SIV yang berulang, mengingat tidak tersedianya vaksin SIV di lokasi tersebut. Di sisi lain, hal ini juga mengindikasikan bahwa SIV sudah bersifat endemik di area tersebut (Simon-Grifé *et al.*, 2012). Infeksi SIV pada babi umumnya tanpa gejala klinis sama sekali atau hanya menimbulkan gejala ringan dengan tingkat kematian yang rendah. Adapun jika terjadi kematian, hal tersebut Sebagian besar terjadi akibat infeksi sekunder seperti bakteri *Streptococcus suis* (CDC, 2012; Williamson *et al.*, 2012). Oleh sebab itu, populasi babi yang terpapar wabah flu musiman umumnya akan membentuk kekebalan terhadap SIV seiring berjalannya waktu. Namun, perlu diingat bahwasannya isolasi virus dari sekreta nasal dan faringeal hanya terjadi pada saat fase demam akut yang sulit dideteksi pada infeksi SIV. Hal ini dikarenakan infeksi SIV pada babi cenderung hanya menimbulkan gejala ringan atau tanpa gejala

klinis sama sekali (Senthilkumar *et al.*, 2021). Oleh sebab itu, ketiadaan isolasi SIV di lokasi endemik tidak serta-merta dapat disimpulkan menjadi ketiadaan virus di lokasi yang dipantau.

Mayoritas peternakan babi di Provinsi Sumatera Utara belum menerapkan penggunaan APD dan dapat diakses dengan lebih bebas oleh orang lain. Kombinasi kedua hal ini meningkatkan risiko masuknya virus dari luar ke peternakan oleh pengunjung yang datang. Sebaliknya, pengunjung juga lebih berisiko membawa virus dari peternakan terinfeksi ke peternakan atau lokasi lain. Penelitian oleh Rabinowitz *et al.* (2013) menunjukkan bahwa aplikasi penggunaan APD, khususnya sarung tangan, dapat menekan angka serokonversi pada pekerja peternakan babi. Babi dapat berperan sebagai inang "pencampur" virus influenza yang dapat menghasilkan varian virus influenza baru (Ma *et al.*, 2008). Mengingat hal ini, kurangnya aplikasi APD juga meningkatkan risiko infeksi virus influenza baik varian baru maupun lama pada pekerja peternakan babi yang kemudian menyebarkannya ke lingkungan (O'Brien and Nonnenmann, 2016). Penggunaan APD yang tidak tepat, seperti penggunaan sepatu boot yang kotor, dapat memicu efek yang merugikan bagi peternakan karena sepatu boot tersebut justru menjadi vektor mekanis dalam penyebaran penyakit (Kouam *et al.*, 2020). Karena kesesuaian penggunaan APD tidak dikaji dalam surveilans ini, studi lebih lanjut diperlukan untuk menelaah hal ini.

Karakterisasi genetik virus yang diisolasi menunjukkan bahwa virus H1N1 G4-EA tidak terdeteksi pada populasi babi di Kota Medan, Provinsi Sumatera Utara. Isolat sample (A/swine/Medan/A01180154/2018) tergolong dalam clade 1A.3.3.2 yang tidak memiliki homologi HA yang erat dengan virus G4-EA dari Tiongkok yang tergolong clade 1C.2.3. Analisis molekuler menunjukkan bahwa homologi asam nukleat gen HA dari virus H1N1 isolat A/swine/Medan/A01180154/2018 cenderung memiliki kekerabatan yang lebih dekat dengan virus H1N1 pdm09 *seasonal flu* yang dideteksi pada tahun 2018 (99.5%) dan virus pdm09 yang dideteksi di Jakarta pada tahun 2009 (98.6%) daripada virus H1N1 G4-EA (73.7%). Selain itu, sekuensing seluruh rangkaian genom virus ini menunjukkan bahwa seluruh rangkaian genom (PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M, dan NS) virus H1N1 isolat A/swine/Medan/A01180154/2018 merupakan derivat dari galur H1N1-pdm09 yang telah menjadi endemik dan musiman sejak tahun 2011. Hal ini sangat berbeda dengan rangkaian genom virus H1N1 G4-EA di mana segmen HA dan NA merupakan derivat dari galur H1N1-EA, segmen PB2, PB1, PA, NP, dan M merupakan derivat dari galur H1N1-pdm09, sedangkan segmen NS merupakan derivat dari galur H1N1-TR (Sun *et al.*, 2020).

KESIMPULAN

Pola hasil uji laboratorium pada program surveilans SIV di Provinsi Sumatera Utara, Banten, Jawa Barat, dan DKI Jakarta menunjukkan adanya pengaruh cuaca musiman terhadap prevalensi SIV. Pola tersebut juga menunjukkan kecenderungan SIV telah menjadi penyakit endemik di area surveilans. Namun, tidak ditemukannya virus pada surveilans di area endemik tidak serta-merta dapat diartikan dengan ketiadaan virus pada individu yang diperiksa.

Hasil surveilans juga menunjukkan perbedaan dalam pelaksanaan manajemen peternakan mempengaruhi prevalensi SIV. Akses peternakan yang terbuka untuk siapa saja serta minimnya penggunaan APD turut berkontribusi terhadap prevalensi SIV yang lebih tinggi serta risiko infeksi ke manusia. Namun keberadaan hewan selain babi di area peternakan, memelihara induk babi untuk pembiakan kurang dari 2 tahun, berjarak kurang dari 1 km dari peternakan unggas terdekat, dan mendatangkan babi melalui perantara pengepul merupakan faktor utama tingginya prevalensi SIV yang ditemukan di kedua area surveilans. Oleh sebab itu, perhatian khusus perlu diberikan untuk menentukan kebijakan yang mampu mencegah wabah SIV di kedua area tersebut.

Isolasi virus, uji qRT-PCR H1N1, dan karakterisasi genetik yang dilakukan terhadap sampel positif dari Provinsi Sumatera Utara Province oleh BVet Medan dan BVet Wates menunjukkan bahwa virus yang dideteksi tergolong virus H1N1 Klasik. Virus yang diisolasi dari peternakan babi di Kota Medan, Provinsi Sumatera Utara (A/swine/Medan/A01180154/2018) termasuk dalam clade 1A.3.3.2 tidak memiliki homologi HA yang erat dengan virus G4-EA dari Tiongkok yang tergolong clade 1C.2.3. Struktur genomik virus yang diisolasi berbeda jauh dengan virus H1N1 G4-EA. Oleh

sebab itu, dapat disimpulkan bahwa saat ini belum ada indikasi sirkulasi virus H1N1 G4-EA pada populasi babi di Indonesia, khususnya di Kota Medan, Provinsi Sumatera Utara.

DAFTAR PUSTAKA

- CDC. 2012. *Swine Influenza (Influenza in Swine)*. [internet]. Available on: <https://www.cdc.gov/flu/swineflu/influenza-in-swine.htm>.
- Chandra, S. & Bisht, N. 2010. Swine Influenza. *Apollo Medicine*. 7: 21–31.
- Kelly, H., Peck, H.A., Laurie, K.L., Wu, P., Nishiura, H. & Cowling, B.J. 2011. The age-specific cumulative incidence of infection with pandemic influenza H1N1 2009 was similar in various countries prior to vaccination. *PloS One*. 6: e21828.
- Kouam, M.K., Jacouba, M. & Moussala, J.O. 2020. Management and biosecurity practices on pig farms in the Western Highlands of Cameroon (Central Africa). *Veterinary Medicine and Science*. 6:82–91.
- Ma, W., Kahn, R.E. & Richt, J.A. 2008. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *J Mol Genet Med*. 3: 158–166.
- Mena, I., Nelson, M.I., Quezada-Monroy, F., Dutta, J., Cortes-Fernández, R., Lara-Puente, J.H., Castro-Peralta, F., Cunha, L.F., Trovão, N.S., Lozano-Dubernard, B. & Rambaut, A. 2016. Origins of the 2009 H1N1 influenza pandemic in swine in Mexico. *Elife*. 5: e16777.
- O'Brien K.M. & Nonnenmann, M.W. 2016. Airborne influenza A is detected in the personal breathing zone of swine veterinarians. *PloS One*. 11: e0149083.
- Rabinowitz, P., Fowler, H., Odofin, L.O., Messinger, C., Sparer, J. & Vegso, S. 2013. Swine worker awareness and behavior regarding prevention of zoonotic influenza transmission. *J Agromedicine*. 18: 304–311.
- Rewar S., Mirdha D. & Rewar P. 2015. Treatment and prevention of pandemic H1N1 influenza. *Annals of Global Health*. 81: 645–653.
- Senthilkumar, D., Kulkarni, D.D., Venkatesh, G., Gupta, V., Patel, P., Dixit, M., Singh, B., Bhatia, S., Tosh, C., Dubey, S.C. & Singh, V.P. 2021. Widespread Prevalence of Antibodies Against Swine Influenza A (pdm H1N1 09) Virus in Pigs of Eastern Uttar Pradesh, India. *Current Microbiology*. 78: 2753–2761.
- Simon-Grifé, M., Martin-Valls, G.E., Vilar, M.J., Busquets, N., Mora-Salvatierra, M., Bestebroer, T.M., Fouchier, R.A., Martin, M., Mateu, E. & Casal, J. 2012. Swine influenza virus infection dynamics in two pig farms; results of a longitudinal assessment. *Veterinary Research*. 43: 1–11.
- Sooryanarain, H. & Elankumaran, S. 2015. Environmental role in influenza virus outbreaks. *Amu. Rev. Anim. Biosci*. 3: 347–373.
- Sun, H., Xiao, Y., Liu, J., Wang, D., Li, F., Wang, C., Li, C., Zhu, J., Song, J., Sun, H. & Jiang, Z. 2020. Prevalent Eurasian avian-like H1N1 swine influenza virus with 2009 pandemic viral genes facilitating human infection. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 117: 17204–17210.