



Evaluasi vaksin H3N2 rekomendasi WHO tahun 2019-2020 terhadap *Strain* H3N2 yang bersirkulasi di Indonesia tahun 2008-2019

DOAJ
DIRECTORY OF
OPEN ACCESS
JOURNALS

CrossMark

Giovani Anggasta,* Alvian Rendy Santoso, Erick Sidarta

ABSTRACT

Introduction: H3N2 subtype of influenza A virus dominates influenza cases in Indonesia and manifests more severe symptoms than other subtypes. Although the vaccine has been available, the virus can escape the host immune system through evolution. This study aims to provide information on the effect of H3N2 evolution which circulating in Indonesia and compare with 2019-2020 WHO-recommended vaccine using *in-silico* method.

Method: 133 of hemagglutinin (HA) and 130 of neuraminidase (NA) genetic data of H3N2 virus originated in Indonesia from 2008 to 2019, and HA and NA data of 2019-2020 WHO-recommended H3N2 vaccine were collected from gene bank. Phylogenetic trees were constructed and analyzed using MEGA-X. Prediction of antigenicity and immunogenicity using IEDB and Vaxijen 2.0. Antigenic distance predictions were calculated using P_{epitope} formula.

Results: The genetic evolution of the two analyzed H3N2 genes resulted in epitopes changes of B-cell and MHC class II that compared with the oldest data, for example, 2008(N138S), 2009(S225I), 2012(D503N), and 2017(G500E). Interestingly, this study shows the closest similarities between the 2019-2020 WHO-recommended vaccine with the 2010 strain circulated in Indonesia (genetic distance = $2,9 \pm 0,26\%$) and notable differences when compared to circulating 2019 strain in Indonesia (antigenic distance = $8,30 \pm 3,95\%$).

Conclusion: In this study we found discrepancy in antigenicity of WHO recommended vaccine with the circulating H3N2 virus in Indonesia of the same year (2019) using *in-silico* method. This finding could explain the high prevalence of H3N2 infection in spite of the availability of the vaccine and raise awareness to periodically evaluate H3N2 vaccine used in Indonesia.

Keywords: H3N2, evolution, hemagglutinin, neuraminidase, antigenicity, vaccine

ABSTRAK

Latar belakang: Virus influenza A H3N2, adalah virus yang mendominasi kasus influenza di Indonesia, memiliki manifestasi gejala yang lebih parah jika dibandingkan dengan sub tipe lainnya. Sekalipun vaksin telah tersedia, virus tersebut dapat terus melarikan diri dari sistem imun pejamu melalui proses evolusi. Penelitian ini bertujuan untuk memberikan informasi dari pengaruh evolusi virus H3N2 yang beredar di Indonesia terhadap rekomendasi vaksin WHO tahun 2019-2020 dengan metode *in-silico*.

Metode: Sebanyak 133 data gen hemagglutinin (HA) dan 130 data neuraminidase (NA) virus H3N2 yang berasal dari Indonesia tahun 2008-2019, dan data HA dan NA rekomendasi vaksin H3N2 WHO 2019-2020 dikumpulkan dari *gen bank*. Analisa kekerabatan dan pohon filogenetik dilakukan dengan MEGA-X, prediksi antigenisitas dan imunogenisitas menggunakan IEDB dan Vaxijen 2.0. Prediksi *antigenic distance* menggunakan rumus P_{epitope} .

Hasil: Evolusi kedua gen mengakibatkan perubahan epitop sel B dan MHC kelas II jika dibandingkan dengan data tertua (tahun 2008), seperti 2008(N138S), 2009(S225I), 2012(D503N) dan 2017(G500E). Hasil perbandingan menunjukkan kemiripan antara vaksin rekomendasi WHO dengan *strain* tahun 2010 yang beredar di Indonesia (*genetic distance* = $2,9 \pm 0,26\%$) dan memiliki perbedaan yang cukup berarti dengan *strain* H3N2 yang beredar pada tahun 2019 di Indonesia (*antigenic distance* = $8,30 \pm 3,95\%$).

Kesimpulan: Pada penelitian ini ditemukan perbedaan antara strain H3N2 rekomendasi vaksin WHO dengan virus H3N2 yang beredar di Indonesia pada tahun yang sama (2019) dengan metode *in-silico*. Informasi ini dapat menjadi masukan mengenai tingginya angka kejadian infeksi H3N2 di Indonesia sekalipun telah terdapat vaksin dan menunjukkan perlunya pemantauan berkala untuk mengkaji efektivitas vaksin rekomendasi WHO untuk digunakan di Indonesia.

Kata kunci: H3N2, evolusi, hemagglutinin, neuraminidase, antigenisitas, vaksin

Fakultas Kedokteran Universitas
Tarumanagara, Jakarta, Indonesia

*Korespondensi: Giovani Anggasta,
Fakultas Kedokteran Universitas
Tarumanagara, Jakarta, Indonesia
Giovani51199@gmail.com