

Manfaat bioinformatik percepat rangkaian, cari penawar virus



Timbalan Presiden Persatuan Bioinformatik dan Perkomputeran Biologi Malaysia

Oleh Prof Madya Dr Tengku Haziya Amin Tengku Abdul Hamid
bhrencana@bh.com.my

Melalui sampel seorang pesakit di Wuhan, saintis menerusi kaedah penjujukan generasi baharu memperoleh jujukan lengkap asid deoksiribonukleik (DNA) genom virus SARS-Cov-2.

Maklumat ini mendedahkan SARS-Cov-2 hampir menyamai virus terdapat pada kelawar (96 peratus) dan tenggiling (90 peratus). Berdasarkan maklumat protein pepaku (spike), SARS-CoV-2 dikatakan menggunakan tenggiling sebagai perumah perantara.

Dalam tempoh masa singkat, semua maklumat ini dapat kita ketahui. Dari sudut sejarah, kita amat bernasib baik berbanding masyarakat terdahulu.

Wabak *The Black Death* melanda manusia sekitar 1300-an melenyapkan hampir separuh penduduk dunia. Wabak 'Selsema Sepanyol' (1918-1919) pula mengakibatkan 45 juta kematian.

Setakat ini COVID-19 mengakibatkan hampir empat juta kematian dengan angka peratusan sebenarnya masih kecil (kurang 0.5 peratus).

Revolusi industri yang dialami menjadikan manusia lebih bersedia dalam menempuhi pandemik. Revolusi Industri Keempat (IR 4.0) menegenahkan teknologi canggih dalam telekomunikasi, digitalisasi, perkomputeran awan, internet kebendaan (IoT) dan kecerdasan buatan (AI).

Semua ini memberi impak amat besar kepada corak kehidupan manusia. Ledakan bioteknologi yang sebelum ini berlaku sejak manusia berjaya menemui struktur DNA, mula berintegrasi dengan teknologi canggih.

Bidang bioinformatik tidaklah begitu baharu, tetapi kini ia elemen penting dalam bioteknologi yang berkembang pesat seiring dengan kemajuan digital.

Bioinformatik agak kompleks dan ia meliputi bagaimana maklumat biologi diproses, diolah, dianalisis dan seterusnya digunakan untuk pelbagai manfaat manusia. Maklumat biologi diperbuat daripada unit asas yang membentuk jujukan genom, protein dan sebagainya.

Sebagai contoh, kaedah penjujukan genom yang menggunakan teknik reaksi rantai polimerase (PCR) juga digunakan secara meluas dalam mengesan atau menyaring virus.

Sejak pandemik melanda, bioinformatik dimanfaatkan secara meluas dan maksimum oleh saintis dalam penyelidikan mereka. Akibat kawalan pergerakan dan penutupan makmal, kaedah bioinformatik lebih mudah dicapai.

Maklumat jujukan genom virus yang diperoleh daripada sampel pesakit perlu dikemas kini dan disunting sebelum ia dianalisis. Ini dapat dilakukan melalui perisian yang kebanyakannya tersedia dalam platform yang terbuka dan percuma.

Sebagai contoh, bagi mengendalikan genom

SARS-Cov-2 (bersaiz 2.9 kilobes) saintis menggunakan perkongsian pangkalan data yang membolehkan penstoran secara awan.

Dengan cara ini, jujukan genom dapat dikongsi dalam kalangan saintis dan buat pertama kali dalam sejarah, saintis daripada segenap penjuru dapat berkumpul secara maya dalam memahami pelbagai aspek tentang virus.

Secara umumnya, bioinformatik mempertingkatkan keupayaan saintis dari dua segi:

Pertama, ia membantu dalam mengesan atau memantau transmisi virus. Buat pertama kali dalam sejarah, maklumat genetik hasil daripada penjujukan genom virus diintegrasikan dengan maklumat semasa jangkitan atau penularan.

Tidak pernah berlaku sebelum ini, lebih daripada 600,000 genom virus SARS-CoV-2 dijujukan sejak pandemik bermula dengan 5,000 genom baharu diketahui setiap hari. Ini membolehkan varian terbaharu dapat dikenal pasti dan dikaitkan dengan corak penularan serta jangkitan.

Kedua, bioinformatik membantu dalam pembangunan vaksin serta ubat-ubatan. Apabila wabak sudah melanda, maklumat genom masih belum mencukupi untuk menyekat penularan.

Bagaimanapun, maklumat jujukan genom memberi peluang kepada saintis mengenal pasti bahagian virus yang dapat berinteraksi dengan mana-mana sebatian yang bakal berfungsi sebagai antivirus.

Pendek kata, dengan adanya maklumat genom, peta binaan struktur virus dapat dibina. Secara prinsipnya, sebarang bentuk molekul yang tersimpan dalam pangkalan data dapat dituji kemampuannya untuk bergabung dengan mana-mana bahagian yang terdapat pada virus.

Misalnya, pengetahuan mengenai protein Mpro iaitu enzim unik virus yang berfungsi dalam rep-

likasi memberi ruang pula untuk dibangunkan bahan antiviral.

Melalui kaedah *autodock* dan simulasi molekular, bahan punca yang dapat merencatkan Mpro protein dapat disaring.

Pengetahuan mengenai protein pepaku pada kapsul virus dapat membantu saintis membangunkan vaksin yang mujarab. Vaksin mengenali virus melalui struktur epitop seperti protein pepaku pada permukaan virus.

Bagaimanapun, pandemik ini menunjukkan infrastruktur sains sedia ada masih lagi terhad kerana tidak mampu menjukuki sampel pada jumlah besar pada kadar yang cepat.

Memandangkan virus berevolusi dengan cepat, agak sedikit sukar untuk saintis 'mengejar' virus. Proses 'kejar-mengejar' ini mungkin memakan lebih masa dan lebih banyak varian yang muncul atau terlepas pandang.

Mutasi pada protein pepaku misalnya mampu menjejaskan keupayaan vaksin dan mungkin vaksin baharu perlu dibangunkan. Sama ada bahan itu antiviral mahupun vaksin, ia perlu dituji secara klinikal.

Pandemik ini menyaksikan vaksin dihasilkan dalam tempoh masa paling cepat dalam sejarah perubatan dan ini dibantu oleh platform bioinformatik.

Kemajuan yang dicapai sejak sekian lama merevolusikan bagaimana kita bertindak dalam menghadapi ancaman virus.

Bioinformatik secara tidak langsung membantu saintis dalam memahami virus dan mencari penawar dalam menghadapi jangkitan.

Infrastruktur bioinformatik perlu diperkukuhkan dan dipertingkatkan lagi supaya kita tidak ketinggalan dan bersedia dalam menghadapi ancaman wabak virus pada masa akan datang.



Bioinformatik dapat membantu saintis dalam pembangunan vaksin dan ubat-ubatan.

(Foto hiasan)