



TUGAS AKHIR - SM141501

**PENERAPAN ALGORITMA NEEDLEMAN-WUNSCH UNTUK MENGIDENTIFIKASI
MUTASI PADA SEKUEN DNA VIRUS KORONA**

ALFIANA RIRISATI DEWI
NRP 0611144000013

Dosen Pembimbing
Prof. DR. Mohammad Isa Irawan, MT

DEPARTEMEN MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA, KOMPUTASI, DAN SAINS DATA
Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya
2018



FINAL PROJECT - SM141501

***APPLICATION OF NEEDLEMAN-WUNSCH
ALGORITHM TO IDENTIFY MUTATIONS IN
CORONA VIRUS DNA SEQUENCES***

ALFIANA RIRISATI DEWI
NRP 0611144000013

Supervisor
Prof. DR. Mohammad Isa Irawan, MT

DEPARTMENT OF MATHEMATICS
FACULTY OF MATHEMATICS, COMPUTATION, AND DATA
SCIENCES
Institut Teknologi Sepuluh Nopember
2018

LEMBAR PENGESAHAN

PENERAPAN ALGORITMA NEEDLEMAN-WUNSCH
UNTUK MENGIDENTIFIKASI MUTASI PADA SEKUEN
DNA VIRUS KORONA

APPLICATION OF NEEDLEMAN-WUNSCH ALGORITHM
TO IDENTIFY MUTATIONS IN CORONA VIRUS DNA
SEQUENCES

Diajukan untuk memenuhi salah satu syarat
Untuk memperoleh gelar Sarjana Sains
Pada bidang studi Ilmu Komputer

Program Studi S-1 Jurusan Matematika
Fakultas Matematika, Komputasi, dan Sains Data
Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya

Oleh :

ALFIANA RIRISATI DEWI

NRP. 06111440000013

Menyetujui
Dosen Pembimbing,

Prof. DR. Mohammad Isa Irawan, MT
NIP. 19631225 198903 1 001

Mengetahui,
Kepala Departemen Matematika
FMKSD ITS

Dr. Imam Mukhlash, S.Si, MT
NIP. 19700831 199403 1 003
Surabaya, 01 Agustus 2018

PENERAPAN ALGORITMA NEEDLEMAN-WUNSCH UNTUK MENGENAL IDENTIFIKASI MUTASI PADA SEKUEN DNA VIRUS KORONA

Nama Mahasiswa : Alfiana Ririsati Dewi
NRP : 06111440000013
Departemen : Matematika
Dosen Pembimbing : Prof. DR. M. Isa Irawan, MT

Abstrak

Virus korona merupakan virus yang mampu melakukan mutasi dengan sangat cepat dan banyak sekali virus lain yang muncul akibat mutasi virus ini. Untuk mengetahui letak mutasi virus korona jenis satu dengan yang lainnya, dapat dilakukan penyejajaran sekuen DNA tersebut menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Data virus korona diambil dari Genbank National Center for Biotechnology Information mulai tahun 1985-1992. Algoritma Needleman-Wunsch merupakan algoritma global alignment dimana penyejajarannya dilakukan ke semua sekuen dengan kompleksitas $O(mn)$ dan mampu menghasilkan alignment yang optimal. Tahapan penting dalam tugas akhir ini adalah pertama, dilakukan penyejajaran sekuen dari dua DNA virus korona menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Kedua, dilakukan identifikasi letak mutasi dari DNA virus tersebut. Hasil dari tugas akhir ini adalah suatu penyejajaran dan letak mutasi dari kedua sekuen tersebut. Hasil identifikasi mutasi DNA tersebut dapat digunakan untuk mengetahui virus lain hasil mutasi virus korona sekaligus dapat digunakan dalam bidang kesehatan sebagai acuan pembuatan obat untuk penyakit hasil mutasi virus korona.

Kata kunci: Algoritma Needleman-Wunsch, Penyejajaran sekuen

**APPLICATION OF NEEDLEMAN-WUNSCH ALGORITHM
TO IDENTIFY MUTATIONS IN CORONA VIRUS DNA
SEQUENCES**

Name of Student	:	Alfiana Ririsati Dewi
NRP	:	06111440000013
Department	:	Mathematics
Supervisor	:	Prof. Dr. M. Isa Irawan, MT

Abstract

Corona virus is a virus capable of mutating very quickly and many other viruses that arise due to mutations of this virus. To find out the location of corona virus mutations of one type to another, DNA sequences can be aligned using the Needleman-Wunsch algorithm. Corona virus data was taken from Genbank National Center for Biotechnology Information from 1985-1992. The Needleman-Wunsch algorithm is a global alignment algorithm in which alignment is performed to all sequences with the complexity of $O(mn)$ and is capable of producing optimal alignment. An important step in this final project is the sequence alignment of two corona viruses using the Needleman-Wunsch algorithm. Second, identification of the location of mutations from the DNA of the virus. The result of this final project is an alignment and the location of mutations of both sequences. The results of identification DNA mutation can be used to find out other viruses mutation corona virus as well as can be used in the field of health as a reference for the manufacture of drugs for corona virus mutation outcome.

Keyword: Neeleman-Wunsch Algorithm, Sequence Alignment

X

KATA PENGANTAR

Segala puji syukur penulis panjatkan ke hadirat Allah SWT, karena dengan ridho-Nya penulis dapat menyelesaikan Tugas Akhir dengan judul **“PENERAPAN ALGORITMA NEEDLEMAN-WUNSCH UNTUK MENGIDENTIFIKASI MUTASI PADA SEKUEN DNA VIRUS KORONA”** yang merupakan salah satu persyaratan akademis dalam menyelesaikan Program Sarjana Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Teknologi Sepuluh Nopember, Surabaya.

Tugas Akhir ini dapat diselesaikan dengan baik berkat kerja sama, bantuan, dan dukungan dari banyak pihak. Sehubungan dengan hal tersebut, penulis ingin mengucapkan terima kasih kepada :

1. Bpk. Dr. Imam Mukhlash, S.Si, MT selaku Kepala Departemen Matematika ITS.
2. Bpk. Dr. Hariyanto, S.Si, MT selaku Dosen Wali yang telah memberikan arahan akademik selama penulis menempuh pendidikan di Departemen Matematika ITS.
3. Prof. Dr. Mohammad Isa Irawan, MT selaku Dosen Pembimbing yang telah membimbing penulis dalam mengerjakan Tugas Akhir ini sehingga dapat terselesaikan dengan baik.
4. Dr. Didik Khusnul Arif, S.Si, M.Si selaku Ketua Program Studi S1 Departemen Matematika ITS.
5. Drs. Iis Herisman, M.Si selaku Sekretaris Program Studi S1 Departemen Matematika ITS.
6. Seluruh jajaran dosen dan staf Departemen Matematika ITS.
7. Keluarga tercinta (Bapak, Ibu, Dian, Nabila) yang senantiasa memberikan dukungan dan do'a yang tak terhingga.

8. Teman-teman angkatan 2014 dan semua pihak yang tidak bisa penulis sebutkan satu-persatu, terima kasih telah membantu sampai terselesaikannya Tugas Akhir ini.

Penulis menyadari bahwa Tugas Akhir ini masih jauh dari kesempurnaan. Oleh karena itu, penulis mengharapkan kritik dan saran dari pembaca. Akhir kata, semoga Tugas Akhir ini dapat bermanfaat bagi semua pihak yang berkepentingan.

Surabaya, 29 Juni 2018

Penulis

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL.....	i
LEMBAR PENGESAHAN	v
ABSRAK.....	vii
KATA PENGANTAR.....	xi
DAFTAR ISI	xiii
DAFTAR GAMBAR.....	xv
DAFTAR TABEL	xvii
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Batasan Masalah.....	3
1.4 Tujuan.....	4
1.5 Manfaat.....	4
1.6 Sistematika Penulisan Tugas Akhir.....	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	7
2.1 Penelitian Terdahulu.....	7
2.2 Struktur DNA	8
2.3 Virus Korona	9
2.4 Mutasi.....	10
2.4.1 Klasifikasi Mutasi.....	10
2.5 Sequence Alignment.....	11
2.6 Algoritma Needleman-Wunsch.....	13
BAB III METODE PENELITIAN	21
3.1 Objek dan Aspek Penelitian	21
3.2 Peralatan	21
3.3 Tahapan Penelitian	21
BAB IV PERANCANGAN IMPLEMENTASI.....	25
4.1 Analisis Sistem.....	25
4.1.1 Pengambilan Data.....	25
4.1.2 Perancangan Diagram Alir dan <i>Pseudocode</i>	26

4.2	Perancangan sequence alignment dengan Algoritma Needleman-Wunsch dan Identifikasi Mutasi.....	30
BAB V IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN	35	
5.1	Implementasi Perangkat Lunak	35
5.2	Tampilan Aplikasi	35
5.3	Pengujian Perangkat Lunak.....	39
5.3.1	Pengujian dengan Pilihan Input <i>Copy String</i>	40
5.3.2	Pengujian dengan Pilihan Input <i>Upload File from Computer</i>	46
5.3.3	Pengujian dengan Pilihan Input <i>Download Online</i>	47
5.3.4	Diskusi	55
5.3.5	Uji Validasi Algoritma	56
BAB VI PENUTUP.....	59	
6.1	Kesimpulan.....	59
6.2	Saran.....	59
DAFTAR PUSTAKA.....	61	
LAMPIRAN.....	63	
BIODATA PENULIS.....	143	

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Perbedaan <i>global alignment</i> dan <i>local alignment</i>	13
Gambar 2.2 Matriks substitusi dari sekuen A dan B.....	15
Gambar 2.3 Langkah Traceback.....	16
Gambar 3.1 Diagram Alir Metode Penelitian.....	24
Gambar 4.1 Tampilan <i>website NCBI</i>	36
Gambar 4.2 Diagram Alir Algoritma Needleman-Wunsch untuk Identifikasi Mutasi pada Sekuen DNA Virus Korona.....	27
Gambar 4.3 Activity Diagram.....	28
Gambar 5.1 Tampilan utama program.....	36
Gambar 5.2 Tampilan program dengan pilihan input <i>copy string</i>	37
Gambar 5.3 Tampilan program dengan pilihan input <i>Upload file from computer</i>	38
Gambar 5.4 Tampilan program dengan pilihan input <i>Download Online</i>	39
Gambar 5.5 Tampilan <i>Running</i> program dengan pilihan input <i>Upload File from Computer</i>	47
Gambar 5.6 Tingkat Homologi dari 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap (dalam persen).....	53
Gambar 5.7 Skor maksimum dari 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap	54
Gambar 5.8 Banyaknya mutasi dari 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap	54

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1	Contoh matriks nilai S awal.....	16
Tabel 2.2	Contoh hasil matriks substitusi s.....	16
Tabel 2.3	Contoh matriks nilai S.....	17
Tabel 2.4	Contoh langkah traceback.....	18
Tabel 1.	Contoh perhitungan matriks substitusi s.....	63
Tabel 2.	Contoh perhitungan matriks nilai S.....	64
Tabel 3.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i>	70
Tabel A.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 5, mismatch= -3, dan gap= 7.....	77
Tabel B.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 5, mismatch= -3, dan gap= 3.....	89
Tabel C.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 9, mismatch= -4, dan gap= 4.....	98
Tabel D.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 9, mismatch= -6, dan gap= 6.....	108
Tabel E.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 10, mismatch= -6, dan gap= 6.....	118
Tabel F.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 14, mismatch= -8, dan gap= 8.....	128
Tabel G.	Hasil Pengujian DNA virus corona jenis <i>Infectious bronchitis virus</i> dengan skor match= 7, mismatch= -2, dan gap= 8.....	138

BAB I

PENDAHULUAN

Pada bab ini dibahas mengenai latar belakang yang mendasari penulisan Tugas Akhir ini. Di dalamnya mencakup identifikasi permasalahan pada topik Tugas Akhir kemudian dirumuskan menjadi permasalahan yang diberikan batasan-batasan dalam pembahasan pada Tugas Akhir ini.

1.1 Latar Belakang

Komputasi biologi adalah bidang ilmu yang berfokus pada penyusunan sebuah model matematika dalam menyelesaikan dan menganalisis masalah sekuen biologi. Komputasi pada bidang biologi dikenal dengan bioinformatika. Bioinformatika merupakan ilmu perpaduan antara ilmu biologi dan ilmu informatika untuk penyimpanan data (storage), pencarian informasi (retrieval), manipulasi data, dan distribusi informasi yang dihubungkan dengan makromolekul biologi, seperti DNA, RNA, dan protein. Bioinformatika lebih sering digunakan untuk komputasi mikrobiologi dan berfokus pada analisis data sekuens biologi.

DNA (*Deoxyribonucleic acid*) atau asam deoksiribonukleat merupakan biomolekul yang berupa asam nukleat (terdapat dalam inti sel atau nucleus), yang berfungsi untuk menyimpan informasi genetik pada suatu organisme. DNA berbentuk untai ganda (double helix) yang disatukan oleh ikatan hidrogen antara basa-basa di dalam kedua untai tersebut. Basa-basa tersebut adalah Adenin (A), Sitosin (C), Guanin (G), dan Timin (T). DNA merupakan salah satu metode yang dapat membuktikan apakah suatu organisme mempunyai hubungan kerabat atau tidak. Salah satu pengenalan suatu organisme pada bioinformatika adalah dengan penyejajaran sekuen (*sequence alignment*), yaitu proses penyusunan/penyejajaran suatu sekuen dengan satu atau lebih sekuen lainnya sehingga persamaan

sekuen-sekuen tersebut tampak nyata atau diperoleh tingkat kesamaan di antaranya (*sequence similarity*)[1]. Dalam proses sintesis protein, DNA menyediakan informasi genetik yang diperlukan oleh sel untuk dapat berfungsi secara fungsional dan struktural. Terkadang, bisa terjadi perubahan acak pada suatu bagian DNA yang disebut mutasi.

Mutasi adalah perubahan pada materi genetik suatu makhluk yang terjadi secara tidak direncanakan, acak, dan merupakan dasar bagi sumber variasi organisme hidup yang bersifat terwariskan (*heritable*). Istilah mutasi pertama kali dipergunakan oleh Hugo de vries, untuk mengemukakan adanya perubahan fenotip yang tidak direncanakan pada bunga oenothera lamarckiana dan bersifat menurun. Ternyata perubahan tersebut terjadi karena adanya penyimpangan dari kromosomnya. Salah satu virus penyakit yang dapat berubah menjadi virus penyakit lainnya karena adanya mutasi gen adalah virus corona. Virus ini pertama kali diisolasi pada tahun 1965, dari cairan hidung seorang anak yang menamparkan gejala pilek (*common cold*), yang biasanya disebabkan oleh infeksi Rhinovirus atau virus Influenza. Coronavirus itu sendiri dapat bermutasi menjadi virus tipe lainnya dengan sangat cepat karena virus ini merupakan virus RNA strand positif terbesar. Dari data WHO melaporkan bahwa sampai 31 Mei 2015 terdapat 1180 kasus yang telah terkonfirmasi laboratorium positif Coronavirus dengan 483 pasien meninggal (angka kematian 40%) [2].

Untuk mengetahui apakah virus korona yang satu dengan yang lain merupakan satu kerabat atau tidak, dibutuhkan suatu metode yang dapat menyejajarkan DNA virus corona yang satu dengan yang lainnya. Permasalahan tersebut dapat diselesaikan menggunakan *dinamic programming*. *Dinamic programming* dalam penyejajaran sekuen DNA memiliki dua macam teknik, yaitu dengan penyejajaran global maupun lokal. Beberapa algoritma yang digunakan dalam penyejajaran lokal antara lain adalah Smith-Waterman, FASTA, BLAST, dan masih banyak algoritma yang sedang dikembangkan. Sementara untuk

pensejajaran global, algoritma Needleman-Wunsch masih kerap digunakan dan juga dikembangkan agar lebih efisien[3].

Dalam penelitian ini, dilakukan penyejajaran sekuen DNA secara global alignment karena dalam penyejajaran ini dilakukan penyejajaran dari ujung sekuen hingga ke ujung sekuen lainnya dari karakter DNA. Algoritma yang digunakan dalam penelitian ini adalah algoritma Needleman-Wunsch. Algoritma ini awalnya diciptakan oleh Saul Needleman dan Christian Wunsch pada tahun 1970[4]. Algoritma ini merupakan implementasi program dinamis yang digunakan untuk menentukan tingkat kesamaan atau kecocokan dua buah teks. Cara kerja algoritma ini adalah sekuen DNA disejajarkan dengan cara mencocokkan serta menggeser, sehingga didapatkan tingkat kesamaan maksimum secara global atau menyeluruh (*Global Alignment*) dari kedua sekuen DNA tersebut dengan kompleksitas $O(mn)$. Dengan melihat hasil serta proses algoritma Needleman-Wunsch dalam pensejajaran DNA, maka dalam penelitian ini dibahas bagaimana algoritma Needleman-Wunsch dapat digunakan untuk menyejajarkan sekuen DNA virus korona sehingga dapat mengetahui keberadaan mutasi pada virus korona. Data DNA virus yang digunakan merupakan data di GenBank NCBI.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah dikemukakan, dapat ditarik rumusan masalah yaitu bagaimana menerapkan algoritma Needleman-Wunsch untuk mengidentifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona?

1.3 Batasan Masalah

Pada penelitian ini, penulis membuat batasan masalah sebagai berikut :

1. Data yang digunakan adalah data sekuen DNA virus korona pada GenBank National Center for Biotechnology Information berformat FASTA (www.ncbi.nlm.nih.gov) dengan panjang 1500-3500 bp.

2. Penandaan mutasi dilakukan dengan cara membandingkan sekuen DNA virus korona spesies yang sama tetapi di waktu yang berbeda

1.4 Tujuan

Berdasarkan permasalahan yang telah dirumuskan sebelumnya, tujuan dari Tugas Akhir ini adalah untuk menerapkan algoritma Needleman-Wunsch dalam proses mengidentifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona.

1.5 Manfaat

Manfaat yang dapat diperoleh dari Tugas Akhir ini adalah untuk mendapatkan hasil mutasi pada sekuen DNA virus korona menggunakan algoritma Needleman Wunsch. Hasil identifikasi tersebut diharapkan dapat memberikan kemudahan dalam bidang kesehatan, khususnya dalam pembuatan obat untuk virus hasil mutasi virus korona.

1.6 Sistematika Penulisan Tugas Akhir

Sistematika dari penulisan Tugas Akhir ini adalah sebagai berikut :

1. BAB I PENDAHULUAN

Bab ini menjelaskan tentang gambaran umum dari penulisan Tugas Akhir ini yang meliputi latar belakang masalah, rumusan masalah, batasan masalah, tujuan penelitian, manfaat penelitian, dan sistematika penulisan.

2. BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Bab ini berisi tentang materi-materi yang mendukung Tugas Akhir ini, antara lain penelitian terdahulu, DNA, Virus Korona, Mutasi, *Sequence Alignment*, Algoritma Needleman-Wunsch.

3. BAB III METODOLOGI PENELITIAN

Pada bab ini dibahas tentang langkah – langkah dan metode yang digunakan untuk menyelesaikan Tugas Akhir ini.

4. BAB IV PERANCANGAN IMPLEMENTASI

Pada bab ini akan menguraikan bagaimana tahapan-tahapan dalam perancangan implementasi.

5. BAB V IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN

Bab ini menjelaskan mengenai implementasi dari algoritma Needleman-Wunsch untuk mengidentifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona. Setelah itu, dilakukan analisis terhadap hasil implementasi. Analisis ini bertujuan untuk melihat apakah algoritma tersebut dapat diterapkan untuk mengidentifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona.

6. BAB VI PENUTUP

Bab ini berisi kesimpulan yang diperoleh dari pembahasan masalah sebelumnya serta saran yang diberikan untuk pengembangan selanjutnya.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

Pada bab ini dibahas mengenai dasar teori yang digunakan dalam penyusunan Tugas Akhir ini. Dasar teori yang dijelaskan dibagi menjadi beberapa subbab yaitu penelitian terdahulu, DNA, Virus Korona, Mutasi, *Sequence Alignment*, Algoritma Needleman-Wunsch.

2.1 Penelitian Terdahulu

Penelitian terdahulu yang digunakan dalam tugas akhir ini adalah beberapa penelitian yang relevan dengan tema yang diambil. Diantaranya adalah penelitian yang dilakukan oleh Vijay naidu dan Ajit narayanan[5] pada tahun 2016 mengenai Needleman-Wunsch and Smith-Waterman algorithms for identifying viral polymorphic malware variants. Dalam penelitian tersebut dijelaskan mengenai pengujian efek penggunaan algoritma Needleman-Wunsch dan Smith-Waterman dalam pendekatan berbasis string untuk identifikasi *signature* secara otomatis guna mendeteksi beberapa atau semua varian malware polimorfik. Penelitian ini berhasil mengidentifikasi varian virus malware polimorfik yang diketahui dari virus JS.Cassandra dan virus W32.kitti.

Penelitian lainnya dilakukan oleh Mikhael avner malendes dan Hendra bunyamin[6] pada tahun 2017 mengenai perbandingan algoritma Needleman-Wunsch dan Lempel-Ziv dalam teknik global sequence alignment. Dalam penelitian tersebut, disimpulkan bahwa algoritma Needleman-Wunsch memiliki performansi yang lebih unggul baik untuk data yang kecil maupun yang besar, namun algoritma Lempel-Ziv memiliki keunggulan dalam hal pengolahan dataset dengan faktorisasi sempurna.

Penelitian lainnya dilakukan oleh Aswin swastika dkk[7] pada tahun 2008 mengenai analisis dan implementasi algoritma Needleman-Wunsch sebagai alat bantu mendeteksi plagiarisme

source code (studi kasus: tugas praktikum laboratorium common stt telkom). Algoritma Needleman-Wunsch dapat digunakan untuk menentukan tingkat kemiripan dua *source code* sebagai alat bantu untuk mendeteksi adanya tindak plagiarisme. Implementasinya untuk pensejajaran *source code*, setiap token atau baris dari source code dianalogikan sebagai gugus-gugus karbon dalam pensejajaran dna. Dari hasil penelitian diperoleh suatu kesimpulan bahwa algoritma Needleman- Wunsch ini dapat menentukan tingkat kesamaan secara akurat, serta dapat diketahui jenis kecurangan / plagiarisme yang ada dengan proses lebih lanjut. Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah tugas praktikum yang dikumpulkan oleh mahasiswa telkom. Pada tahun 2009, Dian perdhana putra [8] melakukan penelitian mengenai aplikasi dynamic programming dalam algoritma Needleman- Wunsch untuk penjajaran dna dan protein. Dalam penelitiannya dilakukan perbandingan performansi antara algoritma Brute Force dan Needleman-Wunsch, disimpulkan bahwa Needleman- Wunsch memiliki best alignment dan kompleksitas lebih bagus daripada Brute Force.

Berdasarkan beberapa penelitian sebelumnya, dalam penelitian ini saya akan melakukan penyejajaran sekuen (*sequence alignment*) pada sekuen dna virus korona menggunakan algoritma Needleman-Wunsch serta mengidentifikasi mutasi pada sekuen dna virus korona sehingga kita dapat mengetahui dimana letak mutasi dari kedua virus tersebut.

2.2 Struktur DNA

Deoxyribonucleic acid (DNA) adalah suatu materi yang terdapat pada tubuh manusia dan semua makhluk hidup yang diwarisi secara turun menurun. Semua sel pada tubuh memiliki DNA yang sama dan sebagian besar terdapat pada nukleus. DNA juga dapat ditemukan pada mitokondria [9]. DNA merupakan biomolekul yang berupa asam nukleat (terdapat dalam inti sel atau nucleus), yang berfungsi untuk menyimpan informasi genetik pada suatu organisme. DNA merupakan polimer yang

terdiri dari tiga komponen utama yaitu gugus fosfat, gula deoksiribosa dan basa nitrogen. Basa-basa nitrogen tersebut adalah Adenin (A), Sitosin (C), Guanin (G), dan Timin (T). Adenin berikatan dengan Timin, dan Sitosin berikatan dengan Guanin. DNA berbentuk untai ganda (double helix) yang disatukan oleh ikatan hidrogen antara basa-basa di dalam kedua untai tersebut. Pada struktur untai ganda, orientasi rantai nukleotida pada satu untai berlawanan dengan orientasi untai nukleotida lainnya. Rangkaian DNA ini memiliki kode-kode yang merepresentasikan ciri fisik makhluk hidup, cara bekerja sel dan lain-lain. Kerja sel dapat dilihat dari protein yang dihasilkan dari kombinasi DNA ini. DNA akan mengalami transkripsi menjadi RNA (*Ribo-nucleic acid*), yaitu rangkaian nukleotida seperti halnya DNA, namun nukleotida *Thymine* diganti dengan *Uracil* (U) [10]. Fungsi DNA adalah untuk bereplikasi dan mensintesis protein. Replikasi diperlukan untuk memberikan informasi yang sama pada tiap sel baru ketika terjadi pembelahan. Dalam proses sintesis protein, DNA menyediakan informasi genetik yang diperlukan oleh sel untuk dapat berfungsi secara fungsional dan struktural. Terkadang, bisa terjadi perubahan yang tidak direncanakan pada suatu bagian DNA yang disebut mutasi.

2.3 Virus Korona

Virus merupakan suatu individu yang tidak dapat dideskripsikan sebagai hewan maupun tumbuhan. Jika hewan dan tumbuhan mengandung dua asam nukleat yaitu DNA dan RNA, sebaliknya virus hanya mengandung salah satunya. Asam nukleat tersebut dapat merangsang siklus replikasi virus secara lengkap. Virus hanya dapat bereplikasi dan hidup pada inang hidup, jika inang tersebut akhirnya mati maka virus akan berpindah pada sel yang masih hidup [11].

Genus coronavirus termasuk ke dalam keluarga Togaviridae, mempunyai ampollop yang tipis dengan diameter tubular nucleocapsid sebesar 9 nm. Genom dari virus genus ini terdiri dari single-stranded RNA dan memiliki berat yang tidak terdefinisikan. Pada strain yang menyerang manusia dapat

menyebabkan demam, dan pada hewan, coronavirus dapat menyerang organ pernafasan, pencernaan atau dapat menyebabkan penyakit sistemik [12]. Terdapat tiga grup coronavirus yang dapat menyerang mamalia dan unggas. Grup pertama termasuk di dalamnya adalah *feline coronavirus* (FCoV), *canine coronavirus* (CCV), *transmissible gastroenteritis virus* (TGEV) pada babi dan *human coronavirus* 229E. Grup kedua terdiri dari *bovine coronavirus* dan *mouse hepatitis virus*, sedangkan grup yang ketiga terdiri dari *avian infectious bronchitis virus* serta variasinya [13].

2.4 Mutasi

Mutasi adalah perubahan struktur pada materi genetik suatu makhluk yang terjadi secara acak dan merupakan dasar bagi sumber variasi organisme hidup yang bersifat terwariskan (*heritable*). Mutasi bisa terjadi pada saat proses transkripsi, translasi dan duplikasi. Istilah mutasi pertama kali dikemukakan oleh Hugo de Vries yaitu perubahan fenotipe yang tidak direncanakan pada bunga *Oenothera lamarckiana* dan terjadi karena penyimpangan gen. Selanjutnya Seth Wright melaporkan mutasi pada domba jenis Ancon berkaki pendek dan bersifat menurun. Penelitian ilmiah tentang mutasi juga dilakukan oleh Morgan menggunakan *Drosophila melanogaster*. Kemudian Herman Yoseph Muller juga berhasil melakukan mutasi buatan menggunakan sinar X terhadap lalat buah[14,15]. Mutasi dapat menyebabkan pertumbuhan dan kematian sel, dan mungkin juga menyebabkan timbulnya suatu penyakit. Salah satu penyakit yang mengalami mutasi adalah corona virus.

2.4.1 Klasifikasi Mutasi

Ada 4 klasifikasi mutasi yaitu [16]:

1. Tipe 1

Suatu mutasi yang disebabkan oleh perubahan nukleotide, misalnya “a” berubah menjadi “g”.

2. Tipe 2

Suatu mutasi yang terjadi karena ada bagian nukleotide yang berubah urutan posisinya, misalnya bagian “accgu” berubah urutan menjadi “guacc”.

3. Tipe 3

Suatu mutasi yang disebabkan oleh penyisipan segmen baru ke dalam sekuen, misalnya penyisipan “aa” di bagian tengah pada segmen “gguugg” akan mengubah segmen menjadi “gguaaagg”.

4. Tipe 4

Suatu mutasi yang terjadi karena penghapusan segmen nukleotide pada sekuen, misalnya penghapusan nukleotide “ag” dari segmen “acaguua” sehingga segmen berubah menjadi “acuua”.

Karena mutasi tipe 1 dan tipe 2 tidak mengubah posisi dari semua nukleotida maka mutasi ini disebut mutasi substitusi. Sedangkan mutasi tipe 3 dan tipe 4 disebut mutasi pemindahan karena dapat mengubah posisi nukleotida.

2.5 Sequence Alignment

Sequence dalam bioinformatika dapat dideskripsikan menggunakan notasi berikut:

$$\begin{aligned} A &= (a_1, a_2, a_3, \dots, a_{n_a}) & B &= (b_1, b_2, b_3, \dots, b_{n_b}) \\ C &= (c_1, c_2, c_3, \dots, c_{n_c}) \end{aligned} \quad (1)$$

Dengan A, B, C menyatakan sekuen. a_i, b_i, c_i menyatakan unit-unit dasar dari sekuen pada posisi ke-i, dimana elemen-elemen tersebut diperoleh dari himpunan $V_q = \{0, 1, \dots, q - 1\}$. Panjang dari A, B, C adalah n_a, n_b, n_c . Apabila A, B, C adalah sekuen DNA maka $q=4$ dan $V_q = \{a, c, g, t/u\}$ namun bila A, B, C adalah sekuen protein maka $q=20$ dan V_q adalah himpunan dari 20 asam amino.

Sequence alignment merupakan proses penyusunan/penyejajaran suatu sekuen dengan satu atau lebih sekuen lainnya sehingga persamaan sekuen-sekuen tersebut tampak nyata atau diperoleh tingkat kesamaan di antaranya (*sequence similarity*)[1]. *Sequence alignment* merupakan perangkat yang sangat penting

dalam analisis posisi dan tipe mutasi yang tersembunyi di dalam sekuen biologis[16]. Untuk menegaskan hubungan antara beberapa mutasi dapat dilakukan suatu pendekatan dengan membandingkan perbedaan yang ada dalam suatu *family of sequence*.

Definisi Sekuen[16]:

1. Sekuen A' adalah perluasan sekuen A, dimana A' adalah sekuen A dengan penambahan simbol “-“
2. Sekuen A' dan B' merupakan perluasan double sekuen dari A,B, jika masing-masing dari A' dan B' adalah perluasan dari A dan B
3. Grup sekuen \mathcal{A}' merupakan perluasan dari multiple sekuen \mathcal{A}

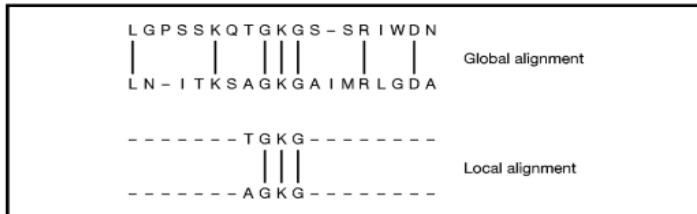
Sequence alignment dalam sekuen DNA dilakukan untuk mencari tingkat kesamaan diantara sekuen-sekuen yang disejajarkan. *Sequence alignment* digunakan untuk mempelajari evolusi sekuen-sekuen dari leluhur (keturunan) yang sama (*common ancestor*). Ketidakcocokan (*mismatch*) dalam *alignment* diasosiasikan dengan proses mutasi, sedangkan kesenjangan (gap, tanda “-“) diasosiasikan dengan proses insersi (bertambahnya sekumpulan asam amino yang baru dalam sekuen) atau delesi (berkurangnya sekumpulan asam amino dalam sekuen)[17].

Berikut adalah contoh *alignment* dari dua sekuen pendek DNA yang berbeda

A	_	G	_	C	T	A	G	A
A	G	G	T	C	T	A	G	A

Tanda | menyatakan adanya kecocokan atau match diantara kedua sekuen. Penyejajaran sekuen DNA memiliki dua macam teknik, yaitu dengan penyejajaran global maupun lokal. Penyejajaran global (*global alignment*) adalah penyejajaran yang dilakukan untuk keseluruhan sekuen, beberapa algoritma yang digunakan dalam penyejajaran lokal antara lain adalah Smith-Waterman, FASTA, BLAST, dan masih banyak algoritma yang sedang dikembangkan. Sedangkan penyejajaran local (*local*

alignment) adalah penyejajaran yang dilakukan ke beberapa atau sebagian sekuen, algoritma yang biasa digunakan adalah algoritma Needleman-Wunsch.



Gambar 2.1 Perbedaan *global alignment* dan *local alignment* [4]

2.6 Algoritma Needleman-Wunsch

Algoritma Needleman-Wunsch merupakan implementasi program dinamis (*dynamic programming*), yaitu suatu algoritma untuk memecahkan masalah yang bekerja dengan menguraikan solusi menjadi sekumpulan tahap (stage) dimana solusi dari persoalan tersebut dapat dipandang atau dipertimbangkan. Perbedaan algoritma *greedy* dan program dinamis (*dynamic programming*) terletak pada jumlah rangkaian keputusan yang dihasilkan, *greedy* hanya memiliki satu, sedangkan program dinamis memiliki lebih dari satu keputusan yang dipertimbangkan.

Dalam bioinformatika, tingkat perbedaan atau mismatch biasanya ditentukan oleh matrik nilai (*score matrix*). Misalnya dalam algoritma program dinamis (*dynamic programming*), $A' = (a'_1, a'_2, \dots, a'_{n'})$ $B' = (b'_1, b'_2, \dots, b'_{n'})$ merupakan *alignment* optimal untuk sekuen berpasangan $A = (a_1, a_2, a_3, \dots, a_{n_a})$ $B = (b_1, b_2, b_3, \dots, b_{n_b})$.

Algoritma Needleman-Wunsch digunakan untuk menentukan tingkat kesamaan atau kecocokan dua buah teks. Algoritma ini juga digunakan untuk menemukan *alignment* yang memiliki nilai optimal pada *global alignment* di dua buah sekuen. Algoritma ini diciptakan oleh Saul Needleman dan Christian Wunsch pada tahun 1970[18].

Adapun langkah-langkah penggerjaan algoritma Needleman-Wunsch[16] adalah

a. Inisialisasi Matriks

Misal sekuen $A = a_1, a_2, \dots, a_n$ dan $B = b_1, b_2, \dots, b_m$, maka buat matriks nilai (*score matrix*) berukuran $(n+1) \times (m+1)$. Dimana n adalah banyak baris yang menyatakan panjang sekuen pertama, dan m adalah banyak kolom yang menyatakan panjang sekuen kedua. Kemudian isi baris pertama dan kolom pertama matriks nilai (*score matrix*) dengan nilai dari gap penalty. Gap penalty merupakan nilai yang diperoleh ketika dilakukan perbandingan antara residu dalam sebuah sekuen dengan karakter kosong (gap) dalam sekuen lainnya.

b. Pengisian Matriks

Misalkan matriks nilai (*score matrix*) disebut matriks S, maka rumus untuk elemen dari matriks S adalah

$$S(i, j) = \max \begin{cases} S(i - 1, j - 1) + s(a_i, b_j) \\ S(i - 1, j) - d \\ S(i, j - 1) - d \end{cases} \quad (2)$$

Dimana:

- $S(i - 1, j - 1)$ = elemen matriks S di diagonal kiri atas
- $S(i, j - 1)$ = elemen matriks S di kiri $S(i, j)$
- $S(i - 1, j)$ = elemen matriks S di atas $S(i, j)$
- $s(a_i, b_j)$ = elemen matriks substitusi di residu i pada sekuen a dan residu j pada sekuen b
- d = gap penalty/skor penalti pada *virtual symbol*

Dengan asumsi model gap linear, yaitu bahwa

$$s(-, a) = s(a, -) = -d \text{ untuk } a \in Q \text{ dimana } d > 0 \quad (3)$$

maka nilai dari daerah gap dengan panjang L sama dengan $-dL$. Jika skor penalti virtual symbol adalah d, maka

$$s(0, j) = -jxd, s(i, 0) = -ixd, s(0, 0) = 0, \text{ dan}$$

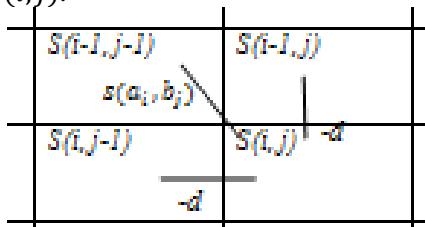
$$s(a_i, b_j) = \begin{cases} \text{skor match, jika } a_i = b_j \\ \text{skor mismatch, jika } a_i \neq b_j \end{cases} \quad (4)$$

	b_1	b_2	b_3	...	b_m	
	$s(0,0)$	$s(0,1)$	$s(0,2)$	$s(0,3)$...	$s(0,m)$
a_1	$s(1,0)$	$s(1,1)$	$s(1,2)$	$s(1,3)$...	$s(1,m)$
a_2	$s(2,0)$	$s(2,1)$	$s(2,2)$	$s(2,3)$...	$s(2,m)$
...
a_n	$s(n,0)$	$s(n,1)$	$s(n,2)$	$s(n,3)$...	$s(n,m)$

Gambar 2.2 Matriks substitusi dari sekuen A dan B[16]

c. Langkah *Traceback*

Setelah matriks nilai (*score matrix*) berukuran $(n+1) \times (m+1)$ telah terisi sepenuhnya, maka alignment score (jumlah dari semua nilai substitusi ditambah dengan jumlah dari semua gap penalty) maksimum dari dua buah sekuen adalah nilai dari elemen paling kanan bawah dari matriks nilai (*score matrix*), yaitu $S(n + 1, m + 1) = s(n, m) = s(i, j)$.

Gambar 2.3 Langkah *Traceback*[16]

$S(i,j)$ sebagai titik awal melakukan traceback hingga titik akhir $s(0,0)$. Jika $S(i,j) = S(i-1,j-1) + s(a_i, b_j)$ maka lintasannya : $(i,j) \rightarrow (i-1,j-1)$.

d. Menentukan hasil alignment

- Menotasikan pasangan dari DNA sebagai a_i, b_j jika alur mundurnya dimulai dari a_i, b_j ke sudut kiri atas.
- Menyisipkan suatu *virtual symbol* pada sekuen vertikal dan menotasikannya sebagai $(a_i, -)$ jika alur mundurnya horizontal.

- Menyisipkan suatu *virtual symbol* pada sekuen horizontal dan menotasikannya sebagai $(-, b_j)$ jika alur mundurnya vertikal.

Sebagai contoh diketahui sequence DNA dengan ukuran 7 dan 6 masing masing sebagai berikut:

Sequence 1: TCGATTA → panjang: 7

Sequence 2: CGTGCA → panjang: 6

Maka dibuat matriks nilai S awal dengan ukuran 8x7

Tabel 2.1 Contoh matriks nilai S awal

S(i,j)		C	G	T	G	C	A
	0						
T							
C							
G							
A							
T							
T							
A							

Misalkan:

nilai match: 5

nilai mismatch: -3

nilai gap (d): 3

selanjutnya akan dihitung nilai matriks substitusi s, untuk contoh perhitungan matriks substitusi s secara lengkap dapat dilihat di lampiran tabel 1. Sehingga didapatkan matriks substitusi seperti tabel 2.2 dibawah ini.

Tabel 2.2 Contoh hasil matriks substitusi s

$s(a_i, b_i)$		C	G	T	G	C	A
	0	-3	-6	-9	-12	-15	-18
T	-3	-3	-3	5	-3	-3	-3

C	-6	5	-3	-3	-3	5	-3
G	-9	-3	5	-3	5	-3	-3
A	-12	-3	-3	-3	-3	-3	5
T	-15	-3	-3	5	-3	-3	-3
T	-18	-3	-3	5	-3	-3	-3
A	-21	-3	-3	-3	-3	-3	5

selanjutnya akan dihitung nilai matriks nilai S, untuk contoh perhitungan matriks nilai S secara lengkap dapat dilihat di lampiran tabel 2. Sehingga didapatkan matriks substitusi seperti tabel 2.3 dibawah ini.

Tabel 2.3 Contoh matriks nilai S

		C	G	T	G	C	A
	0	-3	-6	-9	-12	-15	-18
T	-3	-3	-6	-1	-4	-7	-10
C	-6	2	-1	-1	-4	1	-2
G	-9	-1	7	4	1	-2	-2
A	-12	-4	4	4	1	-2	3
T	-15	-7	1	9	6	3	0
T	-18	-10	-2	6	6	3	0
A	-21	-13	-5	3	3	3	8

Dalam contoh diatas, langkah traceback dimulai dari S(7,6)

Score current = 8 (nilai matriks ke i,j)

Score diagonal = 3+5 = 8

Score left = 3-3 = 0

Score up = 0-3 = -3

Karena *score current = Score diagonal = 8*, maka

$$i-1 = 7-1 = 6$$

$$j-1 = 6-1 = 5$$

sehingga sel selanjutnya adalah S(6,5).

Untuk S(6,5):

$$\text{Score current} = 3$$

$$\text{Score diagonal} = 6-3 = 3$$

$$\text{Score left} = 6-3 = 3$$

$$\text{Score up} = 3-3 = 0$$

Karena $\text{score current} = \text{Score diagonal} = 3$, maka

$$i-1 = 6-1 = 5$$

$$j - 1 = 5-1=4$$

sehingga sel selanjutnya adalah S(5,4).

Langkah traceback dilakukan hingga elemen terakhir yaitu S(0,0).

Tabel 2.4 Contoh langkah traceback

	C	G	T	G	C	A	
	0	-3	-6	-9	-12	-15	-18
T	-3	-3	-6	-1	-4	-7	-10
C	-6	2	-1	-1	-4	1	-2
G	-9	-1	7	4	1	-2	-2
A	-12	-4	4	4	1	-2	3
T	-15	-7	1	9	6	3	0
T	-18	-10	-2	6	6	3	0
A	-21	-13	-5	3	3	3	8

Dari contoh diatas didapatkan hasil alignment seperti dibawah ini:

Sequence 1: **TCGAT-TA**

|| | |

Sequence 2: -**CG-TGCA**

Dilihat dari hasil *sequence alignment* diatas, menunjukkan pada kedua sequence tersebut mengalami mutasi pada nukleotida ke-7 yaitu T pada sekuen pertama berubah

menjadi C pada sekuen kedua. Score dari alignment kedua sequence tersebut adalah 8 dan homologynya adalah 50%.

BAB III

METODE PENELITIAN

Pada bab ini dijelaskan objek, peralatan, dan langkah-langkah yang digunakan dalam penyusunan Tugas Akhir. Disamping itu, dijelaskan pula prosedur dan proses pelaksanaan setiap langkah yang dilakukan dalam menyelesaikan Tugas Akhir.

3.1 Objek dan Aspek Penelitian

Objek yang digunakan dalam penelitian ini adalah data DNA virus korona spesies yang sama namun waktu yang berbeda di GenBank NCBI(Database mengenai informasi bioteknologi di Amerika Serikat) berformat FASTA. Sedangkan aspek penelitian yang diteliti adalah menyajarkan sekuen DNA virus korona kemudian mengidentifikasi mutasi pada sekuen DNA virus tersebut.

3.2 Peralatan

Penelitian ini menggunakan peralatan berupa perangkat keras dan perangkat lunak, antara lain:

1. Perangkat keras

Perangkat keras yang digunakan laptop dengan spesifikasi:

- Sistem operasi windows 7, 32-bit.
- Prosesor AMD E1-1200 APU with Radeon(tm) HD Graphics @ 1.40GHz.
- RAM 2,00 GB.

2. Perangkat Lunak

Perangkat lunak yang digunakan adalah *software* Anaconda dan aplikasi Jupyter Notebook 5.0.0.

3.3 Tahapan Penelitian

Langkah-langkah yang digunakan dalam menyelesaikan Tugas Akhir ini yang diringkas dalam Gambar 3.1 adalah sebagai berikut :

1. Studi Literatur

Studi literatur mengenai *sequence alignment* menggunakan algoritma Needleman-Wunsch dan pengumpulan data DNA virus korona di GenBank NCBI berformat FASTA dalam menyelesaikan tugas akhir ini. Konsep-konsep ini didapat dari buku-buku literatur, jurnal, paper, prosiding, maupun artikel-artikel dari internet.

2. *Sequence Alignment* dengan Algoritma Needleman-Wunsch

- Langkah-langkah algoritma needleman wunsch untuk menyejajarkan sekuen DNA virus sebagaimana dijelaskan dalam tinjauan pustaka diatas yaitu:

- a. Inisialisasi Matriks
- b. Pengisian Matriks
- c. Langkah Traceback

Keluaran dari implementasi algoritma Needleman-Wunsch ini berupa nilai dan visualisasi hasil penjajaran. Keluaran tersebut ditampilkan pada simulasi yang selanjutnya digunakan untuk analisis dan pembahasan. Keluaran tersebut terdiri atas :

1. Length, yaitu panjang penjajaran yang terbentuk.
2. Similarity, yaitu jumlah sekuen yang match dan persentase kemiripan dua sekuen yang dijajarkan dari hasil panjang penjajaran yang terbentuk.
3. Gaps, yaitu yang mewakili persentase kemunculan gaps dari panjang sekuen penjajaran yang terbentuk.
4. Score, yaitu total nilai hasil penjajaran.
5. Visualisasi hasil penjajaran dua sekuen yang berupa bentuk pasangan penjajaran sekuen yang dipisahkan dengan simbol (“ | ”) untuk pasangan sekuen yang match (“ ”) untuk pasangan sekuen yang mismatch dan (“ _ ”) untuk pasangan sekuen yang muncul gaps.

- Mutasi

Dari sekuen DNA virus corona yang telah dilakukan pensejajaran sekuen menggunakan algoritma Needleman-

Wunsch, maka dapat diidentifikasi sekuen DNA ke berapa yang mengalami mutasi. Selanjutnya hasil dari identifikasi akan ditampilkan dalam simulasi.

3. Implementasi pada program

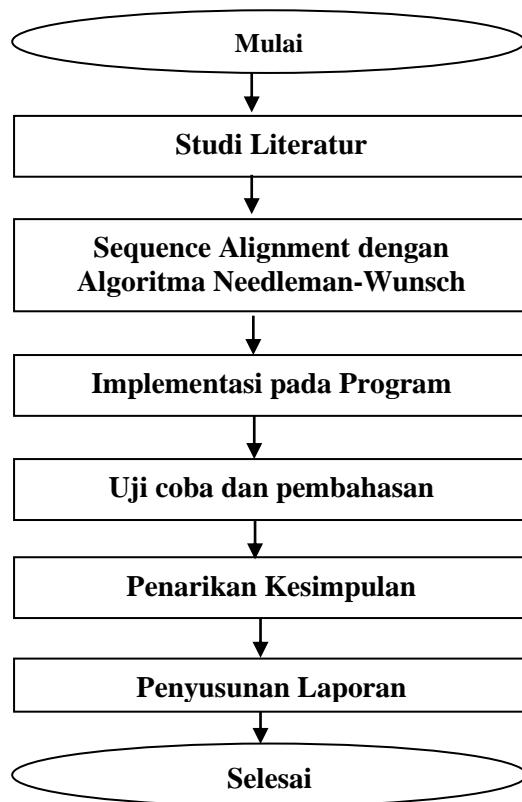
Program yang akan dibuat adalah program yang mengimplementasikan algoritma Needleman-Wunsch untuk menyejajarkan sekuen DNA virus guna mengidentifikasi mutasi dari sekuen DNA virus korona. Program yang dibuat menggunakan bahasa pemrograman Phyton.

4. Uji coba dan pembahasan

Uji coba dan pembahasan dilakukan dengan melakukan simulasi program. Proses ini untuk membantu menganalisis hasil uji coba dan pembahasan sehingga dapat diberikan saran untuk pengembangan penelitian selanjutnya.

5. Penarikan kesimpulan

Penarikan kesimpulan dilakukan dengan memperhatikan hasil dan pembahasan yang telah diselesaikan pada tahap-tahap sebelumnya. Kesimpulan yang ditarik adalah mengenai identifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona menggunakan algoritma Needleman-Wunsch.



Gambar 3.1 Diagram Alir Metode Penelitian

BAB IV

PERANCANGAN IMPLEMENTASI

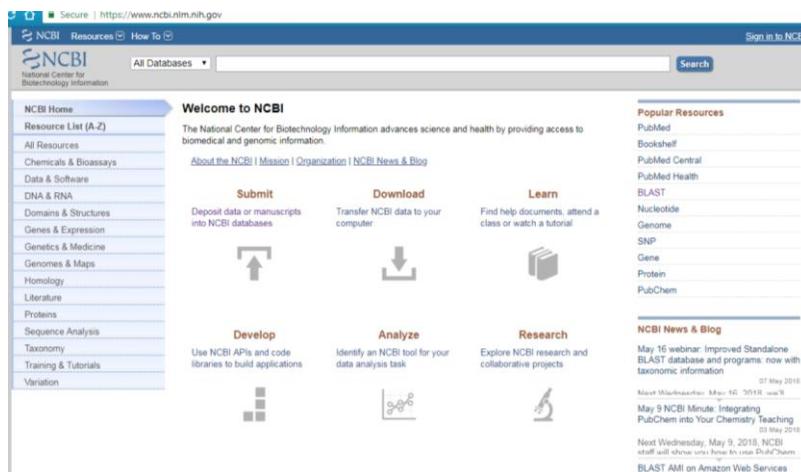
Bab ini menjelaskan rancangan implementasi yang menggambarkan proses rancang bangun secara terperinci dari awal analisis metode algoritma Needleman-Wunsch hingga implementasi atau simulasi algoritma Needleman-Wunsch untuk identifikasi mutasi dan digunakan sebagai acuan untuk implementasi.

4.1 Analisis Sistem

Analisis kerja sistem secara keseluruhan merupakan langkah awal dalam pembuatan program yang digunakan untuk mengetahui gambaran keseluruhan dari proses kerja program yang akan dibuat. Program yang dibuat adalah program penyejajaran sekuen menggunakan algoritma Needleman-Wunsch yang kemudian digunakan untuk identifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona. Tahap ini bertujuan untuk menjelaskan tentang proses-proses yang dilakukan terhadap data awal yang diperoleh, sehingga identifikasi mutasi pada sequence DNA virus korona dapat dilakukan. Ada beberapa hal yang akan dibahas dalam analisis metode yaitu: Pengambilan data, perancangan diagram alir.

4.1.1 Pengambilan Data

Data sequence DNA virus korona berbagai jenis didapatkan dari website <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Pengambilan data digunakan untuk membantu user dalam penyejajaran dan identifikasi mutasi pada sequence DNA virus korona. Data sekuen yang diambil berformat fasta. Pengambilan data ini dapat dilakukan secara manual oleh user dan secara online oleh perangkat lunak yang dibuat.

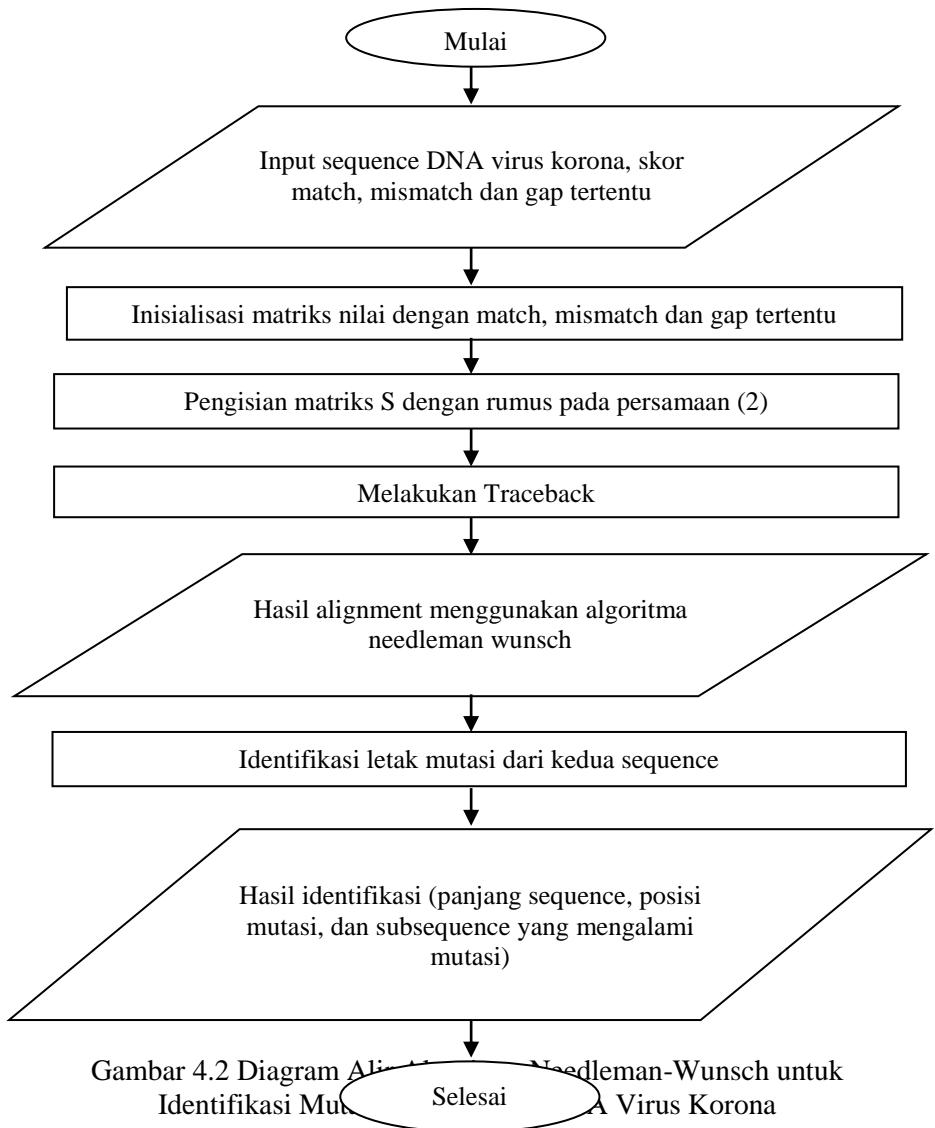


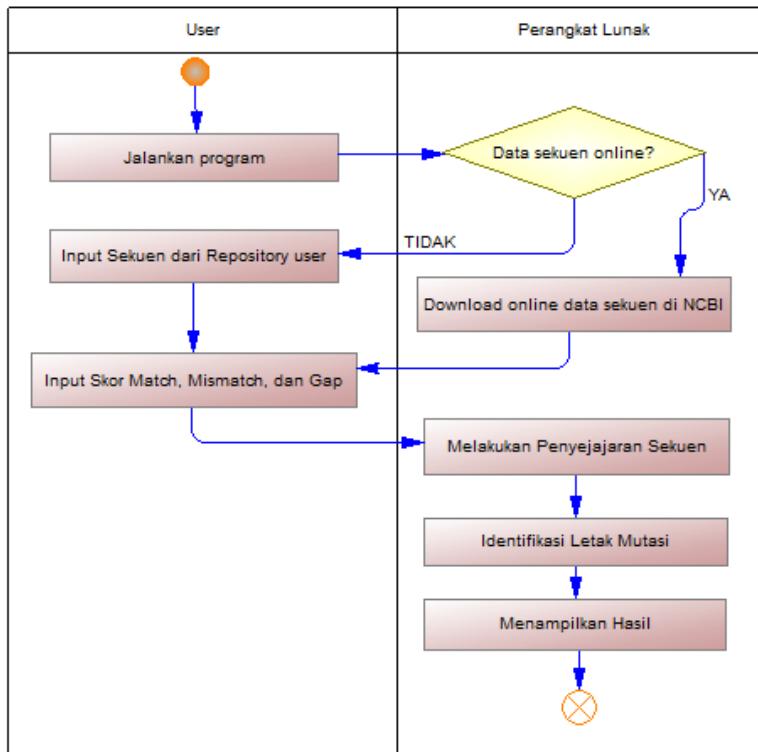
Gambar 4.1 Tampilan website NCBI

4.1.2 Perancangan Diagram Alir dan *Pseudocode*

a. Diagram Alir

Pada tahap ini menjelaskan tentang alir dari program ini. Langkah pertama dalam diagram ini adalah penyejajaran dengan algoritma Needleman-Wunsch. Kemudian dilakukan identifikasi letak mutasi pada sekuen tersebut. Proses ini dilakukan dengan menggunakan *software* Anaconda dan aplikasi Jupyter Notebook 5.0.0. Diagram alir proses ini sesuai dengan Gambar 4.2.





Gambar 4.3 Activity Diagram

b. Pseudocode**Algoritma Sequence_Alignment**

{Melakukan penyejajaran dua sekuen DNA dan mengidentifikasi letak mutasinya}

Deklarasi:

Seq1: string

Seq2: string

F,s: matriks

Alignment1, Alignment2, Mutasi1, Mutasi2: array

Val1, Val2, Val3, Score, ScoreDiag, ScoreVer, ScoreHor, d, i, j: integer

Deskripsi:

```

Read(Seq1, Seq2)
F(0,0) ← 0
For i=1 to length(Seq1)
    F(i,0) ← F(i-1,0) - d
Endfor
For j=1 to length(Seq2)
    F(0,j) ← F(0,j-1) - d
Endfor
For i=1 to length(Seq1)
    For j=1 to length(Seq2)
        Val1 ← F(i-1,j-1) + s(Seq1(i), Seq2(j))
        Val2 ← F(i-1,j) - d
        Val3 ← F(i,j-1) - d
        F(i,j) ← max (val1, val2, val3)
    Endfor
Endfor

i= length(Seq1)
j= length(Seq2)
while i>0 or j>0
    if (i==0)
        Alignment1 ← “_“+ Alignment1
        Alignment2 ← Seq2(j)+ Alignment2
        j=j-1
    Endif
    Elseif (j==0)
        Alignment1 ← Seq1(i)+ Alignment1
        Alignment2 ← “_-“+ Alignment2
        i=i-1
    Endif
    Else
        Score ← F(i,j)
        ScoreDiag ← F(i-1,j-1)
        ScoreHor← F(i-1,j)
        ScoreVer← F(i,j-1)
        If (Score==ScoreDiag+s(Seq1(i), Seq2(j)))
            Alignment1← Seq1(i)+Alignment1
    Endif
Endwhile

```

```

        Alignment2 ← Seq2(j)+Alignment2
        i=i-1
        j=j-1
    Endif
    Elseif (Score==ScoreVer-d)
        Alignment1 ← “-“+ Alignment1
        Alignment2 ← Seq2(j)+ Alignment2
        j=j-1
    Endif
    Elseif (Score==ScoreHor-d)
        Alignment1 ← Seq1(i)+ Alignment1
        Alignment2 ← “-“ + Alignment2
        i=i-1
    Endif
    Endif
Endwhile
Mutasi1=[]
Mutasi2=[]
For i=0 to length(Alignment1)
    If (Alignment1[i] != Alignment2[i] && Alignment1[i]!="-
        " && Alignment2[i]!="-")
        Mutasi1[i]←Alignment1[i]
        Mutasi2[i]←Alignment2[i]
    Endif
Endfor

```

4.2 Perancangan sequence alignment dengan Algoritma Needleman-Wunsch dan Identifikasi Mutasi

Tahap ini bertujuan untuk menyejajarkan dua sekuen DNA virus korona menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Tahapan-tahapan algoritma Needleman-Wunsch adalah

- Inisialisasi matriks

Misalkan sekuen 1 berukuran m dan sekuen 2 berukuran n. Maka dibentuk matriks nilai berukuran $(m+1) \times (n+1)$.

Implementasi program untuk inisialisasi matriks adalah sebagai berikut:

```
def matrikszeros(shape):
    matriks = []
    for x in range(shape[0]):
        matriks.append([])
        for y in range(shape[1]):
            matriks[-1].append(0)
    return matriks
```

Adapun modul yang digunakan adalah

1. from PyQt5 import QtWidgets, uic
modul yang digunakan untuk menampilkan GUI.
2. import requests
modul yang digunakan untuk mengirim request HTTP.
3. from tkinter import filedialog,Tk
modul yang digunakan untuk menampilkan tampilan direktori komputer user.

b. Pengisian Matriks

Pengisian matriks nilai S menggunakan rumus pada persamaan (4) dengan skor match, mismatch, dan gap yang telah ditentukan. Sebelum melakukan pengisian matriks, dicari terlebih dahulu matriks substitusi dengan persamaan:

$$s(0, j) = -j \times d, s(i, 0) = -i \times d, \text{ dan } s(0, 0) = 0$$

dan $s(a_i, b_j) = \begin{cases} \text{skor match, jika } a_i = b_j \\ \text{skor mismatch, jika } a_i \neq b_j \end{cases}$

adapun implementasi dari program pengisian matriks substitusi adalah

```
def match_score(alpha, beta):
    if alpha == beta:
        return match_award
    elif alpha == '-' or beta == '-':
        return gap_penalty
    else:
        return mismatch_penalty
```

Selanjutnya akan dihitung matriks nilai menggunakan persamaan

$$S(i,j) = \max \begin{cases} S(i-1, j-1) + s(a_i, b_j) \\ S(i-1, j) - d \\ S(i, j-1) - d \end{cases}$$

Adapun implementasi untuk program pengisian matriks nilai adalah sebagai berikut:

```

for i in range(0, m + 1):
    score[i][0] = gap_penalty * i*(-1)
for j in range(0, n + 1):
    score[0][j] = gap_penalty * j*(-1)
for i in range(1, m + 1):
    for j in range(1, n + 1):
        match = score[i - 1][j - 1] +
        match_score(seq1[i-1], seq2[j-1])
        delete = score[i - 1][j] - gap_penalty
        insert = score[i][j - 1] - gap_penalty
        score[i][j] = max(match, delete, insert)
    
```

c. Langkah Traceback

Setelah itu dilakukan langkah traceback dari titik awal $S(7,6)$ hingga titik akhir $S(0,0)$ dimana Jika $S(i,j) = S(i-1, j-1) + s(a_i, b_j)$ maka lintasannya : $(i,j) \rightarrow (i-1, j-1)$. Implementasi dari program untuk melakukan traceback adalah:

```

# Traceback and compute the alignment
align1, align2 = "", ""
i, j = m, n # start from the bottom right cell
while i > 0 and j > 0:
    score_current = score[i][j]
    score_diagonal = score[i-1][j-1]
    score_up = score[i][j-1]
    score_left = score[i-1][j]
    
```

```

if score_current == score_diagonal +
    match_score(seq1[i-1], seq2[j-1]):
        align1 += seq1[i-1]
        align2 += seq2[j-1]
        i -= 1
        j -= 1
    elif score_current == score_left + gap_penalty:
        align1 += seq1[i-1]
        align2 += '-'
        i -= 1
    elif score_current == score_up + gap_penalty:
        align1 += '-'
        align2 += seq2[j-1]
        j -= 1

# Finish tracing up to the top left cell
while i > 0:
    align1 += seq1[i-1]
    align2 += '-'
    i -= 1
while i > 0:
    align1 = align1[0:-1]
    align2 = align2[0:-1]
    i -= 1

```

c. Identifikasi mutasi.

Mutasi merupakan proses perubahan suatu nucleotide menjadi DNA nucleotide yang lain.

Presentase kesamaan atau identity dari kedua sequence tersebut dihitung dengan menggunakan rumus:

$$\frac{\text{Banyaknya nucleotide kedua sequence yang sama}}{\text{panjang sequence setelah disejajarkan}} \times 100$$

Adapun implementasi dari program untuk mengitung homology adalah:

```
homology = 0
for i in range(0,len(align1)):
    if align1[i] == align2[i]:
        symbol = symbol+' '
        homology = homology + 1
homology = float(homology) / len(align1) * 100
```

BAB V

IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN

Pada bab ini dijelaskan tentang implementasi dalam bahasa pemrograman python dan hasil uji coba program dalam menerapkan algoritma Needleman-Wunsch untuk identifikasi mutasi pada sequence DNA virus korona.

5.1 Implementasi Perangkat Lunak

Program untuk menerapkan algoritma Needleman-Wunsch untuk identifikasi mutasi pada sequence DNA virus korona diimplementasikan dalam bahasa pemrograman Python dengan menggunakan *software* Anaconda dan aplikasi Jupyter Notebook 5.0.0.

5.2 Tampilan Aplikasi

Pada program, terdapat beberapa tombol dan isian untuk memudahkan user dalam menyelesaikan identifikasi mutasi pada sequence DNA virus korona. Program dibuat dengan tampilan GUI menggunakan QtDesigner pada software python3. Terdapat 4 tampilan GUI, yaitu:

a. Tampilan Utama Program (Home.ui)

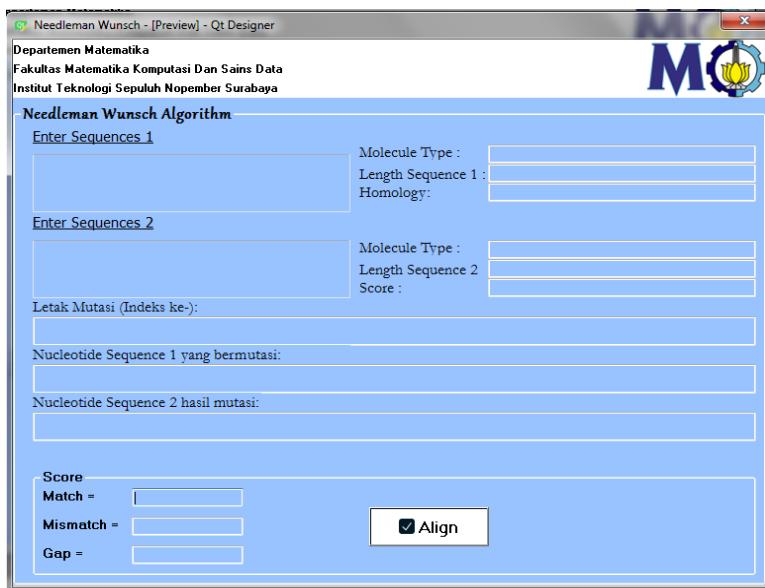
Tampilan pada GUI home.ui ini digunakan untuk tampilan awal/utama user dengan perangkat lunak. pada GUI ini terdapat tiga button yang digunakan untuk memudahkan user memilih jenis input data yang digunakan yaitu *copy string*, *upload file from computer* dan *download online*. Tombol *copy string* digunakan apabila user langsung meng-*copy paste* sekuen DNA ke *text area* pada GUI. Tombol *upload file from computer* digunakan apabila user menimputkan sekuen DNA dari direktori komputer user dan tombol *download online* digunakan apabila user ingin memasukkan sekuen DNA data secara online dari NCBI. Seperti pada gambar berikut:



Gambar 5.1 Tampilan utama program

b. Tampilan Program dengan Pilihan Input *Copy String* (Guistring.ui)

Tampilan pada GUI Guistring.ui ini merupakan tampilan ketika user mengklik tombol *Copy String* di home.ui. Pada GUI ini terdapat beberapa tombol, area masukan dan keluaran. Tombol *align* digunakan untuk melakukan proses penyejajaran sekuen dan identifikasi letak mutasi. Terdapat beberapa *text area* masukan yaitu *Enter Query Sequences*, *Enter Subject Sequences*, *Score Match*, *Mismatch* dan *Gap*. Sedangkan untuk area keluaran ada *Query Molecule type*, *Query Length*, *Identity*, *Subject Molecule type*, *Subject Length*, *Score*, letak mutasi, *Nucleotide query* yang mengalami mutasi, *Nucleotide Subject* yang mengalami mutasi dan *text area* hasil penyejajaran dengan algoritma Needleman-Wunsch. Tampilannya seperti pada gambar dibawah ini:

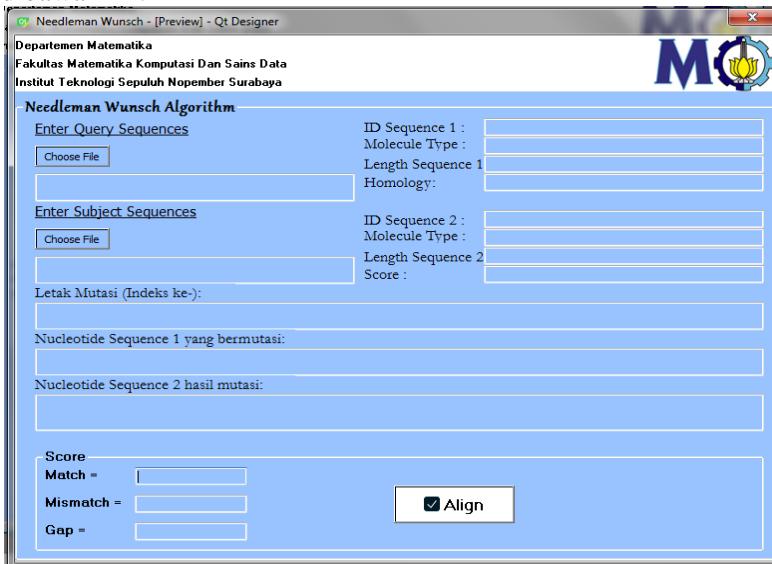


Gambar 5.2 Tampilan Program dengan Pilihan Input *Copy String*

- c. Tampilan Program dengan Pilihan Input *Upload file from computer* (Guistring2.ui)

Tampilan pada GUI Guistring2.ui ini merupakan tampilan ketika user mengklik tombol *Upload file from computer* di home.ui. Pada GUI ini terdapat beberapa tombol, area masukan dan keluaran. Tombol *align* digunakan untuk melakukan proses penyejajaran sekuen dan identifikasi letak mutasi. Terdapat tombol button *choose file* untuk memilih file sekuen DNA format fasta yang sudah didownload dan disimpan di direktori komputer user. File yang sudah dipilih akan ditampilkan di *text area Enter Query Sequences* (untuk file sekuen DNA query) dan *Enter Subject Sequences* (untuk file sekuen DNA subjek). Terdapat beberapa *text area* masukan yang lain yaitu *Score Match*, *Mismatch* dan *Gap*. Sedangkan untuk area keluaran ada *Query ID*, *Subject ID*, *Query Molecule type*, *Query Length*, *Identity*, *Subject Molecule type*, *Subject Length*, *Score*, letak mutasi,

Nucleotide query yang mengalami mutasi, *Nucleotide Subject* yang mengalami mutasi dan *text area* hasil penyejajaran dengan algoritma Needleman-Wunsch. Tampilannya seperti pada gambar dibawah ini:



Gambar 5.3 Tampilan Program dengan Pilihan Input *Upload file from computer*

- Tampilan Program dengan Pilihan Input *Download Online* (Guistring3.ui)
- Tampilan Program dengan Pilihan Input *Upload file from computer*
- Tampilan Program dengan Pilihan Input *Download Online* (Guistring2.ui)
- Tampilan Program dengan Pilihan Input *Download Online* (Guistring3.ui)

Tampilan pada GUI Guistring2.ui ini merupakan tampilan ketika user mengklik tombol *Download Online* di home.ui. Pada GUI ini terdapat beberapa tombol, area masukan dan keluaran. Tombol *align* digunakan untuk melakukan proses penyejajaran sekuen dan identifikasi letak mutasi. Terdapat tombol button *download file* untuk mendownload file sekuen DNA format fasta secara online di website NCBI. Link yang di download akan dimasukkan di *text area Enter Query Sequences* (untuk sekuen DNA query) dan *Enter Subject Sequences* (untuk sekuen DNA subjek). Terdapat beberapa *text area* masukan yang

lain yaitu *Score Match*, *Mismatch* dan *Gap*. Sedangkan untuk area keluaran ada *Query ID*, *Subject ID*, *Query Molecule type*, *Query Length*, *Identity*, *Subject Molecule type*, *Subject Length*, *Score*, letak mutasi, *Nucleotide query* yang mengalami mutasi, *Nucleotide Subject* yang mengalami mutasi dan *text area* hasil penyejajaran dengan algoritma Needleman-Wunsch. Tampilannya seperti pada gambar dibawah ini:



Gambar 5.4 Tampilan Program dengan Inputan *Download Online*

5.3 Pengujian Perangkat Lunak

Berikut ini akan dijelaskan pengujian perangkat lunak penyelesaian identifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Perangkat lunak ini mempunyai 3 pilihan input, yaitu *Copy String* yakni data masukan berupa string sekuen DNA virus korona hasil copy-paste dari genbank NCBI berformat fasta, *Upload File from Computer* yakni data masukan berupa file sekuen DNA virus korona format fasta yang sudah didownload dan disimpan di komputer pengguna, serta *Download Online* yakni data masukan berupa

link sumber dari genbank NCBI format fasta dengan kode tertentu.

5.3.1 Pengujian dengan Pilihan Input *Copy String*

Sebelum mengidentifikasi letak mutasi dari dua sekuen DNA, dilakukan terlebih dahulu proses penyejajaran dua sekuen DNA menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Disini akan digunakan data sekuen DNA virus korona dengan detail sebagai berikut:

Data sekuen DNA 1: *Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds* dengan panjang 1605 bp (versi X00509.1) pada tahun 1989

```
ATGTGGGCATCGTTACTGTCAGTAGTGACTCTTGTGCTTAAGTGAA
TGTAGTATAGTAGGTGAAAATTACACATACTATTACCAAGAGTCAGTTAGG
CCGCCTAATGGCTGGCATAAACATGGTGGAGCCTATCTTGTAAACCAATGAA
ACTGACATATCCTATAATGGTGTCTGTACTGTGGTACAATAAAAGGC
GGCATTGTCATTAATGAGAGTGTCTATCTTTGTACAAAAACACCCATT
GCTTGGTCAGCCAACGGCGTTGCACTACATATTGTAAATTACTCCAGCTTA
TATGTGTTGTTACCCATTGTGGGGCAGCGGACATACTAGTTGTATTATA
AATACAAATCGATAGGCAGATTGTTAGGTGTTAAAGACTTTCTGGT
AACTGGATTATAATCGTACTATAAAGGCTATTGGCCGTATAGTAAATT
ACAGCCTGGCAATGCTTGTAAATTACAGTGTTCTAAACGGCAAC
CTTGTGTATAAGTTCTAACTTACGGAGGATGTTGCAGCGGGTGGTGTATT
GCTAAAAGCGTCAATGGCTAAAACGTAGAATTATGAAGGACACTGATGTT
TTGGCATATTTGTAATGGCACTGCTGTGAAAGTGATTGTTGTGATGAC
AGCCTAGAGGTAGGGTACGGTACAGTGTAACTAATACAGGAATTACTGAT
GGGTATACCCCTTCGTAAGTTACAATGTTAGGTTAAATAGTGTGTT
TATGAGGTTATTAGTACTACAACCTATGGTAAACTTAACAAACATTACTTT
CATAAATGAAACTGGTGCACCACTGCAGGTTCTAAATGTTGCTAATTGTT
AAATATCAGACGCCATGGTGCCTGAAGGTTTTGTTAGGCTCAATTGTT
TTCTGTCTACTTACAGGTATCAGGAGTCTGATTACTTATGGTTCTTAT
CATAAAGGCTTGTAAATTAGACTAGAAAGTTAAATGTTAAATGTT
AATACTTAAAGTGTCTATTAGCTATGGACCCTAAAGGGTTCTGTAAAG
CAGTCAGTTAAATCGTAAAGCAACATGCTGTGTTAGGCTAAATGTT
ACTAATGGGGTCAAGAGTGTAAAGGGTTTATAATGGAGAACGCAACT
AAATTGAAATGCGGGCTTGTATTAGACAAGACTGATGGTTCAACG
ATAATAACTGCAGAAAACCACCTGTTTACTACTAAATTACTAATAAT
ATTGTTGTTGTAAGTGTGTTAATTATAATTTATGGCAGGTATGCCAA
GGCGTCATTAGTAATATAACTGAAAGCATTGGATTTCACAGGGAGAT
```

```

GGTTGGTCATCTGGACACTGCTGGTCTATAGATATTTCTGTTAAG
GATGGGCCACTCACACATTACAAAATTAAACCTTGTAATGATGTAAT
CAACAATATGTAGTGTCAAGGAGGAATATAGTGGTCTTCACATCTAGT
AATGAGACTGGCTCTATTCAAGTTAGAAGATCAGTTATATTAAACTCACT
AATAGCACTCGTAGGCATAGGAGA

```

Data sekuen DNA 2: *Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds dengan panjang 1605 bp (versi J02252.1) pada tahun 1989*

```

ATGTTGGCACAGTTACTGTTAGCAGTGACTCTTGTCTGCTTAGGTGAA
TGTAGTATAGTAGGTGAAAATTACACATACTATTACAGAGTCAGTTAGA
CCGCCTAACATGGCTGGCATAAACATGGTGGAGCCTATCTGTAGTTAATGAA
ACTGATATATCCTATGATGCTGCGTCTGTACTGTGGGTACAATAAAAGGC
GGCATTGTCAATTAGAGAGTGCTATATCTTGTACTAAAACACCTATT
GCTTGGTCAGCTCAAGCGTTTGCACTACATATTGAATTATTCCAGCCTA
TATGTGTTGTAACCCATTGTGGGGCGTGGACATAATAGTTGTTAATATA
AATACAAATCGCATAGGCAGATTGTTAGGTGTTAACCTTTCTGGT
AACTGGATTATAATCGCACTATACAGGCTACTGGTCCGTATAGTAAATT
ACAGCCTGCAATGTCCTGCTAATTTACAGGTGTGTTCTAAATGCCAAC
CTTGTGTATAGTCTAACCTTACGGAGGATGTGCAAGCGCTGGTGTATT
GCTAAACAGTCATGGCTAAAACGTAGAATTATGAAGGACACTGATGTT
TTGGCATATTTGTAATGGCACTGCTGTTGAAGTGATTGTTGTGATGAC
AACCTAAAGGTAGGTAGCATGTCAGTTAATACAGGAATTAACTGAT
GGGTATACCCCTTCTGAAGTAATAATGTTAGGTAAATGATAGTGTGTT
TATGATGTTATTAGTACTACAACCTATGGTAACTTAACACATTACTTC
CATATGAAACTAGTGCAACCACCTGCAGGTTCTAATGTTGCTAATTTATT
AAATATCAGACGCATGTTGCCTGAAGGTTGTTAGGCTTAATTTCT
TTCTTGCTACTACAGGTATCAGGAGTCTGTTACTTATGGTCTTAT
CATAGGCTGTAATTAGTACTAGAAAGTATAATAATGTTAATGTT
AATACTTAAGTGTTCTATTAGCTATGGACCTTAAGGGTCTTGAAG
CAGTCAGTGTAACTCATAAAGCAACGTGCTGTTATGCCTATAAATATCCC
ACTAATGGGGTCAAGAGTGTAAAGGGTGTATAATGGAGAACGCAAACT
AAATTGAAATGGGGCTTCTGTATTAGACAAGACTGATGGTTCACGC
ATAATAACTGCAGAAAAACCACCTGTTTACTACTAATTAACTAATAAT
ATTGTTGTTGGTAAGTGTGTTAATTATAATATTATGGTAGGTATGGCAA
GGCGTCATTAGTAATGTAACTACTGAAGCATTGGTTTTAGAGGGAGAT
GGTTGGTCATCTGGACACTGCTGGTCTATAGATATTTGTTGTTAGG
GATGGTCCATTACACATTACAAGATTAATCCTGTAATGATGTAAT

```

```
CAACAATATGTA GTGTCAGGAGGAAATATA GTTGGTCTTCTCACATCTAGT
AATGAGACTGGCTCTATTCA GTTAGAAGATCAGTTTATATTAAACTCACT
AATAGCACCCGTAGGCATCGGAGA
```

Dengan score:

Match = 5

Mismatch = -3

Gap = 3

Penentuan score diatas tergantung pengguna dan setiap score yang berbeda akan menghasilkan hasil penyejajaran dan homologi yang berbeda.

Hasil Alignment:

```
ATGTGGC ATC-GTTACTGTCAGTAGTGACTCTTTGTTGCTTTAAGTG
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
ATTTGGCA-CAGTTACTGTTAGCAGTGACTCTTTGTCCTGCTTTAGGTG
AATGTAGTATAGTAGGTGAAAATTACACATACTATTACCAGAGTCAGTTT
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
AATGTAGTATAGTAGGTGAAAATTACACATACTATTACCAGAGTCAGTTT
AGGCCGCCTAATGGCTGGCATAAACATGGTGGAGCCTATCTTGTAAACCAA
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
AGACCGCCTAATGGCTGGCATAAACATGGTGGAGCCTATCTTGTAGTTAA
TGAAGACTGACATATCCTATAATGGTGTGTCTTGACTGTGGGTACAATAA
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
TGAAGACTGATATATCCTATGATGCTGCGTCTTGTACTGTGGGTACAATAA
AAGGC CGCATTGTCA TTAA TGTGAGAGTGCTATATCTTTGTTACAAAAAAC
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
AAGGC CGCATTGTCA TTAA TGTGAGAGTGCTATATCTTTGTTACTAAAAACA
CCCATTGCTTGGTCAGC-CAACGGCGTTGCACTACATATTGTAAATTACT
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
CCTATTGCTTGGTCAGCTAA-GGC GTT TGCACTACATATTGTAAATTATT
CCAGCTTATATGTGTTGTTACCCATTGTGGGGGCAGCGGACATACTAGT
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
CCAGCTTATATGTGTTGTAACCCATTGTGGGGGCCGTGGACATAATAGT
TGATTATAAAATACAAATCGCATAGGCGAGATTGTTTAGGTGTTAAAGA
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
TGTATTATAAAATACAAATCGCATAGGCGAGATTGTTTAGGTGTTAAATC
CTTTCTGGTA ACTGGATTATAATCGTACTATAAAAGGCTATTGGTCCGT
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
CTTTCTGGTA ACTGGATTATAATCGCACTATAACAGGCTACTGGTCCGT
ATAGTAAATTACAGCCTGGCAATGTCTGCTAATTTACCAAGTGTGTTT
||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
ATAGTAAATTACAGCCTGGCAATGTCTGCTAATTTACCAAGTGTGTTT
```

CTAACGGCAACCTTGTGTATAGTTCAACTTACGGAGGATGTTGCAGC
 |||||
 CTAATGGCAACCTTGTGTATAGTTCAACTTACGGAGGATGTTGCAGC
 GGGTGGTGTATGCTAAAAGC - GTCAATGGCTAAAACGAGAATTATG
 |||||
 GGCTGGTGTATGCTAAAAA-CAGTCATGGCTAAAACGAGAATTATG
 AAGGACACTGATGTTGGCATATTTGTAATGGCACTGCTGTTGAAGT
 |||||
 AAGGACACTGATGTTGGCATATTTGTAATGGCACTGCTGTTGAAGT
 GATTGTTGTATGACAGCCCAGAGGTAGGTAGCATGTCAGTATAATA
 |||||
 GATTGTTGTATGACACCCCTAAAGGTAGGTTAGCATGTCAGTATAATA
 CAGGAAATTACTGATGGGTATACCCCTTCGTAAGTTACAATGTTAGTT
 |||||
 CAGGAAATTACTGATGGGTATACCCCTTCGTAAGTTACAATGTTAGTT
 ATAATAGTTGTTGTTATGAGGTTATTAGTACTACAACCTATGGTAA
 |||||
 AATGATAGTTGTTGTTATGATGTTATTAGTACTACAACCTATGGTAA
 ACTTAACAAACATTACTTCCATAATGAAACTAGTCACCCCTGCAGGTT
 |||||
 CTAATGTTGCTAATTAAATATCAGACGCATGTTGCCTGAAGGT
 |||||
 CTAATGTTGCTAATTAAATATCAGACGCATGTTGCCTGAAGGT
 TTTGTTAGGCTTAATTTCCTTGTCTACCTACAGGTATCAGGAGTC
 |||||
 TTTGTTAGGCTTAATTTCCTTGTCTACCTACAGGTATCAGGAGTC
 TGATTTACTTATGGTTCTATCATAAGGCTTGTAAATTAGACTAGAAA
 |||||
 TGATTTACTTATGGTTCTATCATAAGGCTTGTAAATTAGACTAGAAA

GTATTAATAATGGTTAATGTTAATACTTTAAGTGTTCATTAGCTAT
 |||||
 GTATTAATAATGGTTAATGTTAATACTTTAAGTGTTCATTAGCTAT
 GGACCACTTAAGGGTTCTTGTAAAGCAGTCAGTATTTAATCGTAAAGCAAC
 |||||
 GGACCACTTAAGGGTTCTTGTAAAGCAGTCAGTGTAAATCATAAAGCAAC
 ATGCTGTTATGCCTATAAAATATCCCACTAATGGGTTCAAGAGTGTAAAGG
 |||||
 GTGCTGTTATGCCTATAAAATATCCCACTAATGGGTTCAAGAGTGTAAAGG
 GTGTTTATAATGGAGAACGCAACTAAATTGTAATGCGGGCTTGTAA
 |||||
 GTGTTTATAATGGAGAACGCAACTAAATTGTAATGCGGGCTTGTAA
 TTTATAGACAAGACTGATGGTCACGCATAATAACTGCAGAAAAACCACC
 |||||
 TTTATAGACAAGACTGATGGTCACGCATAATAACTGCAGAAAAACCACC
 TGTTTATAACTACTAATTACTAATAATATTGTTGGTAAGTGTGTTA
 |||||
 TGTTTATAACTACTAATTACTAATAATATTGTTGGTAAGTGTGTTA

ATTATAATTTGGCAGGTATGCCAAGGCGTCATTAGTAATATAACT
ATTATAATTTGGTAGGTATGCCAAGGCGTCATTAGTAATGTAAC
ACTGAAGCATTGGTTTACAGGGAGATGGTTGGCATCTGGACAC
||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
ACTGAAGCATTGGTTTACAGGGAGATGGTTGGCATCTGGACAC
TGCTGGTTCTATAGATATTTT-TCTGTTAAGGATGGCCACTCACACAT
||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
TGCTGGTTCTATAGATATTTT-TGTTAGGGATGGCCATTCAACACAT
TATTACAAAATTAAATCCTTGTAAATGATGTAATCAACAATATGTAAGTGTCA
||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
TATTACAAAGATTAAATCCTTGTAAATGATGTAATCAACAATATGTAAGTGTCA
AGGAGGAAATATAGTTGGCTTCTCACATCTAGTAATGAGACTGGCTCTA
||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
AGGAGGAAATATAGTTGGCTTCTCACATCTAGTAATGAGACTGGCTCTA
TTCAGTTAGAAGATCAGTTTATATTAAACTCACTAATAGCACTCGTAGG
||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
TTCAAGTTAGAAGATCAGTTTATATTAAACTCACTAATAGCACCCGTAGG
CATAGGAGA
||| ||| |||
CATCGGAGA

ID Sequence 1: M21971.1 Avian infectious bronchitis virus
(strain D1466) peplomeric protein gene encoding the
S1 and S2 subunits, complete cds

Length Sequence 1: 1605

ID Sequence 2: M21968.1 Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds

Length Sequence 2: 1605

Homology (kesamaan): 96.33 %

Score: 5

Letak Mutasi

Total Mutasi: 51

Nucleotide ke- :

- 5 (perubahan nucleotide G menjadi T)
 - 21 (perubahan nucleotide C menjadi T)
 - 24 (perubahan nucleotide T menjadi C)
 - 39 (perubahan nucleotide T menjadi C)

- 47 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 103 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 146 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 147 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 148 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 160 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 170 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 174 (perubahan nucleotide G menjadi C)
- 177 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 244 (perubahan nucleotide A menjadi T)
- 253 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 299 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 306 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 320 (perubahan nucleotide T menjadi A)
- 336 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 338 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 346 (perubahan nucleotide C menjadi A)
- 399 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 400 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 428 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 435 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 442 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 506 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 553 (perubahan nucleotide G menjadi C)
- 668 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 674 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 739 (perubahan nucleotide T menjadi A)
- 741 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 754 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 774 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 819 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 832 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 889 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 912 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1083 (perubahan nucleotide A menjadi G)

- 1091 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 1101 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1317 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1345 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1365 (perubahan nucleotide A menjadi T)
- 1372 (perubahan nucleotide C menjadi G)
- 1431 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1438 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 1442 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1459 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1594 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 1604 (perubahan nucleotide A menjadi C)

5.3.2 Pengujian dengan Pilihan Input *Upload File from Computer*

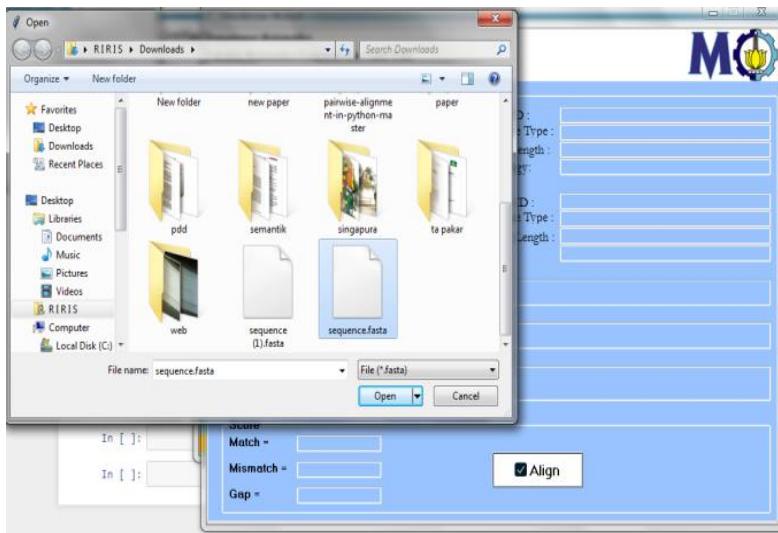
Sebelum mengidentifikasi letak mutasi dari dua sekuen DNA, dilakukan terlebih dahulu proses penyejajaran dua sekuen DNA menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Masukan dari program ini adalah berupa file DNA sekuen format fasta yang sudah di download oleh user dari website NCBI dan disimpan di direktori komputer user. Misalkan:

File sequence 1:

C:/Users/Toshiba/Downloads/sequence.fasta

File sequence 2:

C:/Users/Toshiba/Downloads/sequence(1).fasta



Gambar 5.5 Tampilan *Running* program dengan pilihan input *Upload File from Computer*

5.3.3 Pengujian dengan Pilihan Input *Download Online*

Sebelum mengidentifikasi letak mutasi dari dua sekuen DNA, dilakukan terlebih dahulu proses penyejajaran dua sekuen DNA menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Disini akan digunakan masukan berupa link masukan untuk mendownload secara online dari website NCBI. Adapun link masukannya adalah sebagai berikut:

Link masukan sequence 1:

“<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/efetch.fcgi?db=nucleotide&rettype=fasta&id=M21971>”

Link masukan sequence 1:

“<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/efetch.fcgi?db=nucleotide&rettype=fasta&id=M21968>”

Dapat dilihat dari link masukan diatas, kedua link tersebut hampir sama. Yang membedakan link satu dengan link kedua adalah pada versi dari sekuen DNA itu sendiri.

Dengan score:

Match = 5

Mismatch = 1

Gap = 5

Penentuan score diatas tergantung pengguna dan setiap score yang berbeda akan menghasilkan hasil penyejajaran dan homologi yang berbeda.

Hasil Alignment:

HASIL SEQUENCE ALIGNMENT	
ATG	GGGCATCGTTACTGTCA
T	GAGTAGTGACTCTTGT
T	TTGTTGCTTAA
G	GGCACAGTTACTGTTA
C	GCAGTGACTCTTGT
A	CTGCTTAA
T	GTAGTATA
G	AGTGAAATTACACATA
C	CTATTACATTAC
C	TTAGGTGAGAGTC
T	TTAATACACATA
A	ACAGAGTCAGTTA
T	GGCCCTAATGGCTGG
G	CATAAACATGGTGG
G	AGGCCCTATCTTGT
C	TAACATGGTGTCTTG
C	ACTATTACAGAGTC
T	GGCTTAACATGGTGT
T	CTGGAGCTATCTTGT
G	TTGAGCTATCTTGT
A	GGCCTATCTTGT
C	TTGAGCTATCTTGT
C	AGCTTATATGTGTT
T	GGTACCCATTGTGGGG
T	GGCGTGGACATAATAG
G	TGTTAAACATGGGAG
A	GTGTTAAAGACT
C	CTGGTAAACTGGATT
T	ATAATCGTACTATAA
T	AGGCTATTGGTAC
T	GGTCAACTGGCTACT
G	GGCTACTACAGGCTA
G	GTGTTAAATTTAC
T	GGCAATGTCTTGT
T	CTTGTCAATTACCA
C	GGTCAAGTGTGTT
C	TTTACAGCTGGCA
T	GTCTTGTCAATTAC
T	GGTCAAGTGTGTT
T	AGTAAATTACAGCTG
T	GGCAATGTCTTGT
T	CTTGTCAATTACCA
C	GGTCAAGTGTGTT

AAACGGCAACCTTGTATAGTTCAACTTACGGAGGATGTTGCAGCGG
AAATGGCAACCTTGTATAGTTCAACTTACGGAGGATGTTGCAGCGG
GTGGTGTTCATGCTAAACAGTCATGGCTAAAACGTTAGAATTATGAAG
CTGGTGTTCATGCTAAACAGTCATGGCTAAAACGTTAGAATTATGAAG
GACACTGATGTTGGCATATTTGAAATGCCACTGCTGTTGAAGTGAT
GACACTGATGTTGGCATATTTGAAATGCCACTGCTGTTGAAGTGAT
TGTTTGTGATGACAGCCTAGAGGTTAGCATGTCAGTATAATACAG
TGTTTGTGATGACAACCTAAAGGTTAGCATGTCAGTATAATACAG
GAAATTTACTGATGGGTATACCCCTTCGTAAGTTACAATGTTAAT
GAAATTTACTGATGGGTATACCCCTTCGTAAGTAATAATGTTAAT
AATAGTGTGTTGTTATGAGGTTATTAGTACTACAACCTATGGTAAACT
GATAGTGTGTTGTTATGATGTTATTAGTACTACAACCTATGGTAAACT
TAACAAACATTACTTTCTAAATGAAACTGGTGCACCACCTGCAGGTTCTA
TAACAAACATTACTTTCTAAATGAAACTAGTGCACCACCTGCAGGTTCTA
ATGTTGCTAATTTATTAATATCAGACGCATGTGGTGCTGAAGGTTTT
ATGTTGCTAATTTATTAATATCAGACGCATGTGGTGCTGAAGGTTTT
GTAGGCTCAATTTCTTCTTGTCTACTTACAGGTATCAGGAGTCTGA
GTAGGCTTAATTTCTTGTCTACTTACAGGTATCAGGAGTCTGA
TTTACTTATGGTTCTTATCATAAGGTTGTAATTTAGACTAGAAAGTA
TTAATAATGGTTAATGTTAATACTTAAAGTGTCTATTAGCTATGGA
TTAATAATGGTTAATGTTAATACTTAAAGTGTCTATTAGCTATGGA
CCACTTAAGGGTTCTTGTAAAGCAGTCAGTATTAAATCGTAAAGCAACATG
CCACTTAAGGGTTCTTGTAAAGCAGTCAGTGTAAATCATAAGCAACGTG
CTGTTATGCCTATAAAATATCCCACATAATGGGTTCAAGAGTGTAAAGGTG
CTGTTATGCCTATAAAATATCCCACATAATGGGTTCAAGAGTGTAAAGGTG
TTTATAATGGAGAACGCAACTAAATTGAAATGCGGGCTTCTTGTATTT
TTTATAATGGAGAACGCAACTAAATTGAAATGCGGGCTTCTTGTATTT

ATAGACAAGACTGATGGTTACGCATAATAACTGCAGAAAAACCACCTGT
 TGGTTCTATAGATATTTTCTGTTAAGGATGGGCCACTCACACATTATT
 ACAAAATTAACTCTTGTAAATGATGTAATCAACAAATATGTAGTGTAGGA
 ACAAGATTAACTCTTGTAAATGATGTAATCAACAAATATGTAGTGTAGGA
 GGAAATATAGTTGGCTTCACATCTAGTAATGAGACTGGCTCTATTCA
 GGAAATATAGTTGGCTTCACATCTAGTAATGAGACTGGCTCTATTCA
 GTTAGAAGATCAGTTTATATTAAACTCACTAATAGCACTCGTAGGCATA
 GTTAGAAGATCAGTTTATATTAAACTCACTAATAGCACCCGTAGGCATC
 GGAGA
 GGAGA

ID Sequence 1: M21971.1 Avian infectious bronchitis virus
 (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds

Length Sequence 1: 1605

ID Sequence 2: M21968.1 Avian infectious bronchitis virus
 (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds

Length Sequence 2: 1605

Homology (kesamaan): 96.26 %

Score: 5

Letak Mutasi

Total Mutasi: 60

Nucleotide ke- :

5 (perubahan nucleotide G menjadi T)

- 10 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 11 (perubahan nucleotide C menjadi A)
- 20 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 23 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 38 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 46 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 102 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 145 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 146 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 147 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 159 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 169 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 173 (perubahan nucleotide G menjadi C)
- 176 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 243 (perubahan nucleotide A menjadi T)
- 252 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 267 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 268 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 270 (perubahan nucleotide C menjadi A)
- 297 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 304 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 318 (perubahan nucleotide T menjadi A)
- 334 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 336 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 344 (perubahan nucleotide C menjadi A)
- 397 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 398 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 426 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 433 (perubahan nucleotide A menjadi C)
- 440 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 504 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 551 (perubahan nucleotide G menjadi C)
- 569 (perubahan nucleotide G menjadi C)
- 570 (perubahan nucleotide C menjadi A)
- 665 (perubahan nucleotide G menjadi A)

- 671 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 736 (perubahan nucleotide T menjadi A)
- 738 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 751 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 771 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 816 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 829 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 886 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 909 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1080 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1088 (perubahan nucleotide G menjadi A)
- 1098 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1314 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1342 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1362 (perubahan nucleotide A menjadi T)
- 1369 (perubahan nucleotide C menjadi G)
- 1420 (perubahan nucleotide T menjadi G)
- 1421 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1427 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1434 (perubahan nucleotide G menjadi T)
- 1438 (perubahan nucleotide C menjadi T)
- 1455 (perubahan nucleotide A menjadi G)
- 1590 (perubahan nucleotide T menjadi C)
- 1600 (perubahan nucleotide A menjadi C)

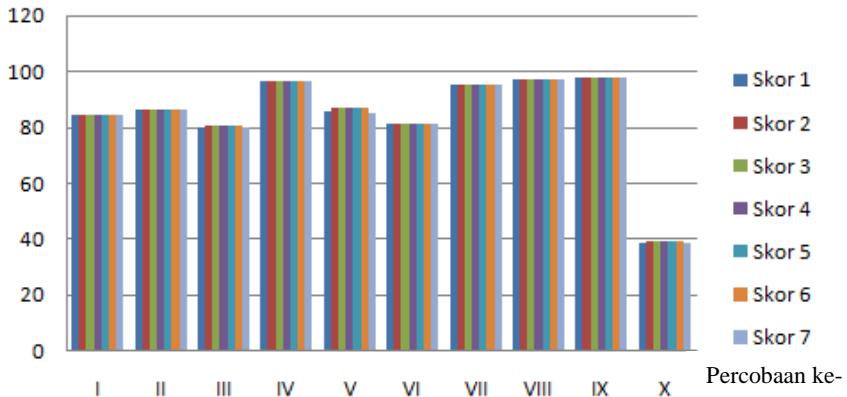
Dilakukan pengujian kembali terhadap 10 DNA virus corona tipe *Infectious bronchitis virus* dari tahun 1985 hingga 1992 dengan *link* sebagai masukan. Pengujian ini dilakukan dengan 7 nilai match,mismatch dan gap, yaitu:

1. Match= 5, mismatch= -3, dan gap= 7
2. Match= 5, mismatch= -3, dan gap= 3
3. Match= 9, mismatch= -4, dan gap= 4
4. Match= 9, mismatch= -6, dan gap= 6
5. Match= 10, mismatch= -6, dan gap= 6
6. Match= 14, mismatch= -8, dan gap= 8

7. Match= 7, mismatch= -2, dan gap= 8

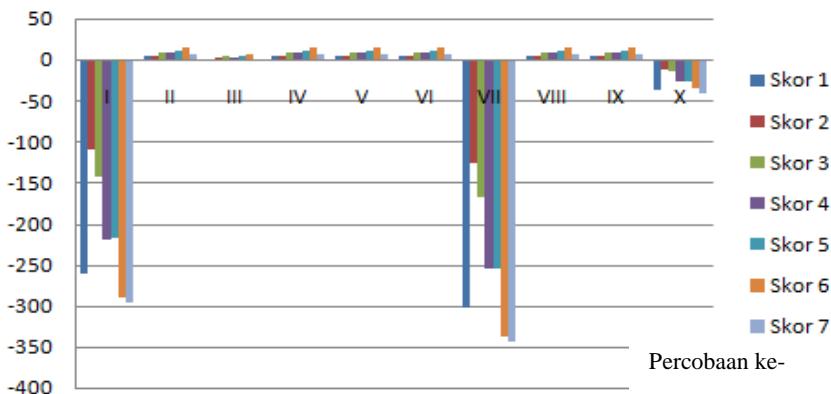
Dari percobaan yang dilakukan terhadap 10 DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dari tahun 1985 hingga 1992 dengan 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap diatas dapat dibuat grafik seperti gambar 5.6, 5.7, dan 5.8 dibawah ini

Tingkat Homologi



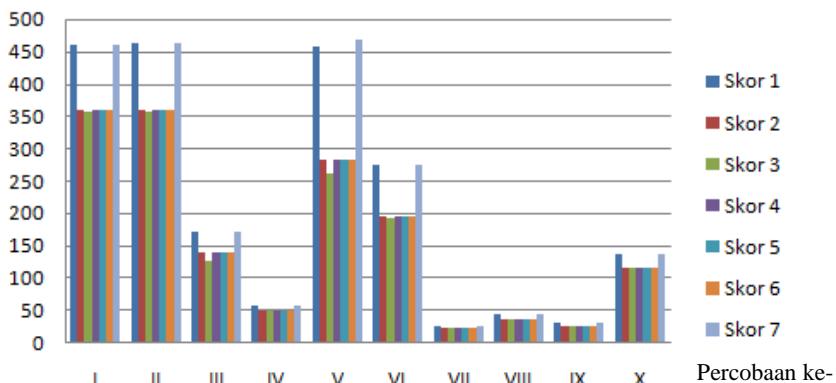
Gambar 5.6 Tingkat Homologi dari 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap (dalam persen)

Skor Maksimum



Gambar 5.7 Skor maksimum dari 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap

Banyaknya Mutasi



Gambar 5.8 Banyaknya Mutasi dari 7 variasi nilai match, mismatch, dan gap

Uraian lengkap mengenai grafik diatas dapat dilihat di lampiran tabel 3.

5.3.4 Diskusi

Berdasarkan percobaan yang dilakukan terhadap 10 DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dari tahun 1985 hingga 1992 dengan 7 variasi nilai match, mismatch dan gap yang berbeda, didapat:

1. Berdasarkan gambar 5.6, hasil homologi 10 jenis virus dari satu waktu ke waktu yang lain diatas 70% (artinya DNA virus tersebut mengalami kemiripan) namun pada virus jenis pertama dengan jenis terakhir mengalami perbedaan yaitu 39% dengan mutasi sebanyak 117(pada skor ke 2 hingga 6) dan 138 (pada skor ke 1 dan 7) . Hal ini menunjukkan bahwa DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* pada tahun 1985 dan 1992 sudah mengalami mutasi.
2. Tingkat homologi menggunakan 7 variasi nilai match, mismatch dan gap yang berbeda menghasilkan tingkat homologi yang hampir sama (selisih dibawah 1), hal ini menunjukkan bahwa penentuan nilai match, mismatch dan gap tidak mempengaruhi tingkat homologinya.
3. Berdasarkan gambar 5.7, 7 dari 10 percobaan (percobaan ke 2, 3, 4, 5, 6, 8, dan 9) memberikan skor maksimum pada saat skor 6 yaitu skor dengan nilai match=14, mismatch=-8 dan gap=8. 7 variasi nilai match, mismatch dan gap yang berbeda menghasilkan skor maksimum yang berbeda. Hal ini menunjukkan bahwa penentuan nilai match, mismatch dan gap mempengaruhi skor maksimum.
4. Berdasarkan gambar 5.8, variasi nilai match, mismatch dan gap ke 2, 4, 5, dan 6 menghasilkan mutasi yang sama. Namun pada variasi nilai match, mismatch dan gap ke 1, 3 dan 7 menghasilkan mutasi yang berbeda. Hal ini menunjukkan bahwa penentuan nilai match, mismatch dan gap mempengaruhi mutasi.

5.3.5 Uji Validasi Algoritma

Untuk menguji kebenaran dari algoritma Needleman-Wunsch, dilakukan penyejajaran sekuen dengan 2 kondisi, yaitu

1. 2 sekuen yang berbeda namun panjangnya sama
2. 2 sekuen yang susunan dan panjangnya sama

Berikut adalah hasil dari penyejajaran sekuen dengan kondisi seperti diatas:

- a. 2 sekuen yang berbeda namun panjangnya sama

Sekuen 1: ABCDEFGHIJKLM (panjang sekuen=13)

Sekuen 2: NOPQRSTUVWXYZ (panjang sekuen=13)

Total Mutasi:

13

HASIL SEQUENCE ALIGNMENT

ABCDEFGHIJKLM

NOPQRSTUVWXYZ

Match: 5

Mismatch: -3

Gap: 3

Homologi: 0 %

Skor: -3

Mutasi: 13 (artinya sekuen 1 dan sekuen 2 adalah sekuen yng berbeda)

Indeks 1 (perubahan A menjadi N)

Indeks 2 (perubahan B menjadi O)

Indeks 3 (perubahan C menjadi P)

Indeks 4 (perubahan D menjadi Q)

Indeks 5 (perubahan E menjadi R)

Indeks 6 (perubahan F menjadi S)

Indeks 7 (perubahan G menjadi T)

Indeks 8 (perubahan H menjadi U)

Indeks 9 (perubahan I menjadi V)

Indeks 10 (perubahan J menjadi W)

Indeks 11 (perubahan K menjadi X)

Indeks 12 (perubahan L menjadi Y)

Indeks 13 (perubahan M menjadi Z)

- b. 2 sekuen yang susunan dan panjangnya sama

Sekuen 1: AAAAAAAAAAAAAAAA (panjang sekuen=15)

Sekuen 2: AAAAAAAA (panjang sekuen=15)

HASIL SEQUENCE ALIGNMENT

AAAAAAAAAAAA
| | | | | | | | | |
AAAAAAA

Match: 5

Mismatch: -3

Gap: 3

Homologi: 100 %

Skor: 5

Mutasi: Tidak ada (artinya sekuen 1 dan sekuen 2 adalah sekuen yang sama)

Dari kedua penyejajaran yang dilakukan dapat disimpulkan bahwa algoritma Needleman-Wunsch benar dan dapat digunakan untuk menyejajarkan dua sekuen.

BAB VI

PENUTUP

Pada bab ini berisi tentang beberapa kesimpulan yang dihasilkan berdasarkan penelitian yang telah dilaksanakan dan saran yang dapat digunakan jika penelitian ini dikembangkan.

6.1 Kesimpulan

Berdasarkan analisis terhadap hasil pengujian program, maka dapat diambil kesimpulan bahwa Algoritma Needleman-Wunsch dapat diterapkan untuk identifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona. Hasil pengujian dilakukan pada 10 DNA virus korona jenis *Infectious bronchitis* dari tahun 1985 hingga 1992 secara berurutan. Pada virus jenis pertama dengan jenis terakhir mengalami perbedaan yaitu sebesar 39% dan mutasi sebanyak 117 (variasi skor match, mismatch dan gap ke 2,4,5 dan 6) serta mutasi sebanyak 138 (variasi skor match, mismatch dan gap ke 111 dan 7). Dapat diamati pula bahwa penentuan skor match, mismatch dan gap yang berbeda akan menghasilkan homologi yang sama namun mutasi dan skor maksimum yang berbeda. Hal ini menunjukkan bahwa DNA virus corona tipe *Infectious bronchitis virus* pada tahun 1985 dan 1992 sudah mengalami mutasi (insersi (penyisipan) atau delesi (pengurangan)) pada DNA virus tersebut.

6.2 Saran

Hal yang penulis sarankan untuk pengembangan penelitian selanjutnya adalah melakukan identifikasi mutasi pada sekuen DNA virus korona dengan metode penyejajaran multiple sekuen sehingga proses penyejajaran dapat dilakukan dengan cepat dan mengembangkan Algoritma Needleman-Wunsch untuk mengidentifikasi mutasi pada sekuen DNA virus lain.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Xiong, Jin. (2006). **Essential Bioinformatics**. Cambridge
- [2] Center of Diseases Control. **Middle East Respiratory Syndrome (MERS)**. URL <<http://www.cdc.gov/coronavirus/mers/faq.html>> diakses pada 28 Januari 2018
- [3] J.Simarmata. (2010). **Rekayasa Perangkat Lunak**. Yogyakarta: Penerbit ANDI
- [4] Jonassen, Inge and Kim Junhyong. (2005). **Algorithms in Bioinformatics**. Verlag Berlin Heidelberg: Springer
- [5] Naidu, V., Narayanan, A. (2016). *Needleman-Wunsch And Smith-Waterman Algorithms For Identifying Viral Polymorphic Malware Variants*. IEEE 14th Intl Conf on Dependable, Autonomic and Secure Computing.
- [6] Malendes, M.A., Bunyamin, H. (2017). *Perbandingan Needleman-Wunsch dan Lempel-Ziv dalam Teknik Global Sequence Alignment: Keunggulan Faktorisasi Sempurna*. **Jurnal Teknik Informatika dan Sistem Informasi**, Vol.3 No.1
- [7] Swastika, A., Baizal, A., Ciptasari, R.W. (2008). **Analisis Dan Implementasi Algoritma Needleman-Wunsch Sebagai Alat Bantu Mendeteksi Plagiarisme Source Code (Studi Kasus : Tugas Praktikum Laboratorium Common Stt Telkom)**. Skripsi: Telkom University
- [8] Putra, D.P.,(2009). **Aplikasi Dynamic Programming dalam Algoritma Needleman-Wunsch untuk Penajaran Dna dan Protein**. Bandung
- [9] Campbell, N.A., Reece, J.B., dan Nitchel, L.G.(2004).**Biologi:Edisi Kelima Jilid 3**.Jakarta: Erlangga
- [10] Noviani, Evi dan Putra, Yoga Satria. (2010). *Pengklasteran Pasien Kanker Leukemia berdasarkan Data Ekspresi Gen*

dengan menggunakan Dekomposisi Nilai Singular. **J. Math. and Its Appl.** Vol. 7, No. 2, Hal. 13-25

- [11] Fenner F et al. 1993. **Veterinary Virology Second Edition**. California : Academic Press, Inc.
- [12] Fenner F et al. 1974. **The Biology of Animal Viruses**. New York : Academic Press, Inc.
- [13] Garner MM et al. 2008. *Clinicopathologic features of a systemic corona virus associated disease resembling feline infectious peritonitis in the domestic ferret (Mustela putorius)*. **Vet Pathol Vol. 45** Hal. 236–246.
- [14] Aryulina Diah,dkk. (2007). **Biologi**. Esis: Jakarta.
- [15] Maniam, MBS. (2011). **Biologi**. Facil-Grafindo: Bandung.
- [16] Shen, S.N., Tuszyński, J.A. (2008). **Theory and Mathematical Methods for Bioinformatics**. Verlag Berlin Heidelberg:Springer
- [17] Isaev, A. (2006). **Introduction To Mathematical Methods in Bioinformatics**. Canberra: Springer
- [18] Needleman, S., Wunsch, C.(1970). *A General Method Applicable to the Search for Similarities in the Amino Acid Sequences of Two Proteins*. **Journal of Molecular Biology**, vol. 48, no. 3, pp. 443-453.

LAMPIRAN

Tabel 1. Contoh Perhitungan Matriks Substitusi s

$s(0,0) = 0$	$s(1,0) = -1 \times 3 = -3$
$s(0,1) = -1 \times 3 = -3$	$s(2,0) = -2 \times 3 = -6$
$s(0,2) = -2 \times 3 = -6$	$s(3,0) = -3 \times 3 = -9$
$s(0,3) = -3 \times 3 = -9$	$s(4,0) = -4 \times 3 = -12$
$s(0,4) = -4 \times 3 = -12$	$s(5,0) = -5 \times 3 = -15$
$s(0,5) = -5 \times 3 = -15$	$s(6,0) = -6 \times 3 = -18$
$s(0,6) = -6 \times 3 = -18$	$s(7,0) = -7 \times 3 = -21$
$T \neq C$, maka $s(T,C) = -3$	$C=C$, maka $s(C,C) = 5$
$T \neq G$, maka $s(T,G) = -3$	$C \neq G$, maka $s(C,G) = -3$
$T=T$, maka $s(T,T) = 5$	$C \neq T$, maka $s(C,T) = -3$
$T \neq G$, maka $s(T,G) = -3$	$C \neq G$, maka $s(C,G) = -3$
$T \neq C$, maka $s(T,C) = -3$	$C=C$, maka $s(C,C) = 5$
$T \neq A$, maka $s(T,A) = -3$	$C \neq A$, maka $s(C,A) = -3$
$G \neq C$, maka $s(G,C) = -3$	$A \neq C$, maka $s(A,C) = -3$
$G=G$, maka $s(G,G) = 5$	$A \neq G$, maka $s(A,G) = -3$
$G \neq T$, maka $s(G,T) = -3$	$A \neq T$, maka $s(A,T) = -3$
$G=G$, maka $s(G,G) = 5$	$A \neq G$, maka $s(A,G) = -3$
$G \neq C$, maka $s(G,C) = -3$	$A \neq C$, maka $s(A,C) = -3$
$G \neq A$, maka $s(G,A) = -3$	$A=A$, maka $s(A,A) = 5$
$T \neq C$, maka $s(T,C) = -3$	$T \neq C$, maka $s(T,C) = -3$

T ≠ G, maka s(T,G) = -3	T ≠ G, maka s(T,G) = -3
T=T, maka s(T,T) = 5	T=T, maka s(T,T) = 5
T ≠ G, maka s(T,G) = -3	T ≠ G, maka s(T,G) = -3
T ≠ C, maka s(T,C) = -3	T ≠ C, maka s(T,C) = -3
T ≠ A, maka s(T,A) = -3	T ≠ A, maka s(T,A) = -3
A ≠ C, maka s(A,C) = -3	A ≠ G, maka s(A,G) = -3
A ≠ G, maka s(A,G) = -3	A ≠ C, maka s(A,C) = -3
A ≠ T, maka s(A,T) = -3	A=A, maka s(A,A) = 5

Tabel 2. Contoh Perhitungan Matriks Nilai S

$S(1,1) = \max\{S(0,0)+s(T,C), S(0,1)-d, S(1,0)-d\}$ $= \max\{0-3, -3-3, -3-3\}$ $= -3$
$S(1,2) = \max\{S(0,1)+s(T,G), S(0,2)-d, S(1,1)-d\}$ $= \max\{-3-3, -6-3, -3-3\}$ $= -6$
$S(1,3) = \max\{S(0,2)+s(T,T), S(0,3)-d, S(1,2)-d\}$ $= \max\{-6+5, -9-3, -6-3\}$ $= -1$
$S(1,4) = \max\{S(0,3)+s(T,G), S(0,4)-d, S(1,3)-d\}$ $= \max\{-9-3, -12-3, -1-3\}$ $= -4$
$S(1,5) = \max\{S(0,4)+s(T,C), S(0,5)-d, S(1,4)-d\}$ $= \max\{-12-3, -15-3, -4-3\}$ $= -7$
$S(1,6) = \max\{S(0,5)+s(T,A), S(0,6)-d, S(1,5)-d\}$ $= \max\{-15-3, -18-3, -7-3\}$ $= -10$
$S(2,1) = \max\{S(1,0)+s(C,C), S(1,1)-d, S(2,0)-d\}$ $= \max\{-3+5, -3-3, -6-3\}$ $= 2$
$S(2,2) = \max\{S(1,1)+s(C,G), S(1,2)-d, S(2,1)-d\}$

	$= \max\{-3-3, -6-3, 2-3\}$ = -1
$S(2,3) = \max\{S(1,2)+s(C,T), S(1,3)-d, S(2,2)-d\}$	$= \max\{-6-3, -1-3, -1-3\}$ = -4
$S(2,4) = \max\{S(1,3)+s(C,G), S(1,4)-d, S(2,3)-d\}$	$= \max\{-1-3, -4-3, -4-3\}$ = -4
$S(2,5) = \max\{S(1,4)+s(C,C), S(1,5)-d, S(2,4)-d\}$	$= \max\{-4+5, -7-3, -4-3\}$ = 1
$S(2,6) = \max\{S(1,5)+s(C,A), S(1,6)-d, S(2,5)-d\}$	$= \max\{-7-3, -10-3, 1-3\}$ = -2
$S(3,1) = \max\{S(2,0)+s(G,C), S(2,1)-d, S(3,0)-d\}$	$= \max\{-6-3, 2-3, -9-3\}$ = -1
$S(3,2) = \max\{S(2,1)+s(G,G), S(2,2)-d, S(3,1)-d\}$	$= \max\{2+5, -1-3, -1-3\}$ = 7
$S(3,3) = \max\{S(2,2)+s(G,T), S(2,3)-d, S(3,2)-d\}$	$= \max\{-1-3, -4-3, 7-3\}$ = 4
$S(3,4) = \max\{S(2,3)+s(G,G), S(2,4)-d, S(3,3)-d\}$	$= \max\{-4+5, -4-3, 4-3\}$ = 1
$S(3,5) = \max\{S(2,4)+s(G,C), S(2,5)-d, S(3,4)-d\}$	$= \max\{-4-3, 1-3, 1-3\}$ = -2
$S(3,6) = \max\{S(2,5)+s(G,A), S(2,6)-d, S(3,5)-d\}$	$= \max\{1-3, -2-3, -2-3\}$ = -2
$S(4,1) = \max\{S(3,0)+s(A,C), S(3,1)-d, S(4,0)-d\}$	$= \max\{-9-3, -1-3, -12-3\}$ = -4
$S(4,2) = \max\{S(3,1)+s(A,G), S(3,2)-d, S(4,1)-d\}$	$= \max\{-1-3, 7-3, -4-3\}$ = 4

$S(4,3) = \max\{S(3,2)+s(A,T), S(3,3)-d, S(4,2)-d\}$
$= \max\{7-3, 4-3, 4-3\}$
$= 4$
$S(4,4) = \max\{S(3,3)+s(A,G), S(3,4)-d, S(4,3)-d\}$
$= \max\{4-3, 1-3, 4-3\}$
$= 1$
$S(4,5) = \max\{S(3,4)+s(A,C), S(3,5)-d, S(4,4)-d\}$
$= \max\{1-3, -2-3, 1-3\}$
$= -2$
$S(4,6) = \max\{S(3,5)+s(A,A), S(3,6)-d, S(4,5)-d\}$
$= \max\{-2+5, -2-3, -2-3\}$
$= 3$
$S(5,1) = \max\{S(4,0)+s(T,C), S(4,1)-d, S(5,0)-d\}$
$= \max\{-12-3, -4-3, -15-3\}$
$= -7$
$S(5,2) = \max\{S(4,1)+s(T,G), S(4,2)-d, S(5,1)-d\}$
$= \max\{-4-3, 4-3, -7-3\}$
$= 1$
$S(5,3) = \max\{S(4,2)+s(T,T), S(4,3)-d, S(5,2)-d\}$
$= \max\{4+5, 4-3, 1-3\}$
$= 9$
$S(5,4) = \max\{S(4,3)+s(T,G), S(4,4)-d, S(5,3)-d\}$
$= \max\{4-3, 1-3, 9-3\}$
$= 6$
$S(5,5) = \max\{S(4,4)+s(T,C), S(4,5)-d, S(5,4)-d\}$
$= \max\{1-3, -2-3, 6-3\}$
$= 3$
$S(5,6) = \max\{S(4,5)+s(T,A), S(4,6)-d, S(5,5)-d\}$
$= \max\{-2-3, 3-3, 3-3\}$
$= 0$
$S(6,1) = \max\{S(5,0)+s(T,C), S(5,1)-d, S(6,0)-d\}$
$= \max\{-15-3, -7-3, -18-3\}$
$= -10$
$S(6,2) = \max\{S(5,1)+s(T,G), S(5,2)-d, S(6,1)-d\}$
$= \max\{-7-3, 1-3, -10-3\}$
$= -2$
$S(6,3) = \max\{S(5,2)+s(T,T), S(5,3)-d, S(6,2)-d\}$
$= \max\{1+5, 9-3, -2-3\}$

= 6
$S(6,4) = \max\{S(5,3)+s(T,G), S(5,4)-d, S(6,3)-d\}$ = $\max\{9-3,6-3,6-3\}$ = 6
$S(6,5) = \max\{S(5,4)+s(T,C), S(5,5)-d, S(6,4)-d\}$ = $\max\{6-3,3-3,6-3\}$ = 3
$S(6,6) = \max\{S(5,5)+s(T,A), S(5,6)-d, S(6,5)-d\}$ = $\max\{3-3,0-3,3-3\}$ = 0
$S(7,1) = \max\{S(6,0)+s(A,C), S(6,1)-d, S(7,0)-d\}$ = $\max\{-18-3,-10-3,-21-3\}$ = -13
$S(7,2) = \max\{S(6,1)+s(A,G), S(6,2)-d, S(7,1)-d\}$ = $\max\{-10-3,-2-3,-13-3\}$ = -5
$S(7,3) = \max\{S(6,2)+s(A,T), S(6,3)-d, S(7,2)-d\}$ = $\max\{-2-3,6-3,-5-3\}$ = 3
$S(7,4) = \max\{S(6,3)+s(A,G), S(6,4)-d, S(7,3)-d\}$ = $\max\{6-3,6-3,3-3\}$ = 3
$S(7,5) = \max\{S(6,4)+s(A,C), S(6,5)-d, S(7,4)-d\}$ = $\max\{6-3,3-3,3-3\}$ = 3
$S(7,6) = \max\{S(6,5)+s(A,A), S(6,6)-d, S(7,5)-d\}$ = $\max\{3+5,0-3,3-3\}$ = 8

Tabel 3. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus*

No	Definisi DNA	Skor Match, Mismatch, dan Gap						
		(5,- 3,7)	(5,- 3,3)	(9,- 4,4)	(9,- 6,6)	(10,- 6,6)	(14,- 8,8)	(7,- 2,8)
1 .	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious	Skor: - 2611	Skor: -109 Hom	Skor: -143 Hom	Skor: -219 Hom	Skor: -218 Hom	Skor: -290 Hom	Skor: -297 Homo

	bronchitis virus). Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Homolog y: 84.1 7% 6% Muta si: 460	olog y: 84.1 84.1 7% Muta si: 360	olog y: 84.1 84.1 7% Muta si: 356	olog y: 84.1 84.17 7% Muta si: 360	ology : 84.17 % Muta si: 360	ology : 84.17 % Mutas i: 460
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 5 Homolog y: 86.3 0% Muta si: 462	Skor: 5 Homolog y: 86.3 1% Muta si: 361	Skor: 9 Homolog y: 86.2 7% Muta si: 357	Skor: 9 Homolog y: 86.3 1% Muta si: 361	Skor: 10 Homolog y: 86.31 % Muta si: 361	Skor: 14 Homolog y: 86.31 % Muta si: 361
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Skor: -2 Homolog y:	Skor: 2 Homolog y:	Skor: 5 Homolog y:	Skor: 3 Homolog y:	Skor: 4 Homolog y:	Skor: 6 Homolog y:

	bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	5 Homolog y: 85,4 5% Mutasi: 458	5 Homolog y: 86.9 7% Mutasi: 284	9 Homolog y: 86.6 7% Mutasi: 261	9 Homolog y: 86.9 7% Mutasi: 284	10 Homology : 86.97 % Mutasi: 284	14 Homology : 86.97 % Mutasi: 284	7 Homo logy: 85,24 % Mutasi: 468
	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989							
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	Skor: 5 Homolog y: 81.4 9% Mutasi: 274	Skor: 5 Homolog y: 81.4 3% Mutasi: 197	Skor: 9 Homolog y: 81.3 4% Mutasi: 193	Skor: 9 Homolog y: 81.4 3% Mutasi: 197	Skor: 10 Homology : 81.43 % Mutasi: 197	Skor: 14 Homology : 81.43 % Mutasi: 197	Skor: 7 Homo logy: 81.49 % Mutasi: 274
	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein							

	gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989							
7.	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	Skor: -303 Hom olog y: 94.9 8% Muta si: 27	Skor: -127 Hom olog y: 94.9 9% Muta si: 23	Skor: -167 Hom olog y: 94.9 9% Muta si: 23	Skor: -255 Hom olog y: 94.9 9% Muta si: 23	Skor: -254 Hom ology : 94.99 % Muta si: 23	Skor: -338 Hom ology : 94.99 % Muta si: 23	Skor: -345 Homo logy: 94.98 % Mutas i: 27
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992							
8.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession:	Skor: 5 Hom olog y: 97.1	Skor: 5 Hom olog y: 97.1	Skor: 9 Hom olog y: 97.1	Skor: 9 Hom olog y: 97.1	Skor: 10 Hom ology : 97.19	Skor: 14 Hom ology : 97.19	Skor: 7 Homo logy: 97.18 %

	X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	8% Muta si: 44	9% Muta si: 36	9% Muta si: 36	9% Muta si: 36	% Muta si: 36	% Muta si: 36	Mutas i: 44
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992							
9.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Skor: 5 Hom olog y: 98.0 1% Muta si: 31	Skor: 5 Hom olog y: 98.0 2% Muta si: 27	Skor: 9 Hom olog y: 98.0 2% Muta si: 27	Skor: 9 Hom olog y: 98.0 2% Muta si: 27	Skor: 10 Hom ology y: 98.02 % Muta si: 27	Skor: 14 Hom ology y: 98.02 % Muta si: 27	Skor: 7 Homo logy: 98.02 % Mutasi: 31
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992							
10.	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor	Skor: -37	Skor: -13	Skor: -15	Skor: -27	Skor: -26	Skor: -34	Skor: -41

	(infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Homolog y: 39.0 1% Muta si: 138	Homolog y: 39.1 3% Muta si: 117	Homolog y: 39.1 3% Muta si: 117	Homolog y: 39.1 3% Muta si: 117	Homology : 39.13 % Muta si: 117	Homology : 39.13 % Muta si: 117	Homology: 39.01 % Mutasi: 138
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992							

Tabel A. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 5, mismatch= -3, dan gap= 7

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -261 Homology: 84.16% Mutasi: 460 Nucleotide ke-: 54 63 64 73 75 77 79 80 81 87 91 96 108 109 111 112 113 115 118 122 126 138 154 155 156 158 162 165 166 168 171 181 209 212 213 229 232 243 244 250 253 254 261 262 267 270 281 285 289 300 301 305 306 311 317 319 320 321 323 324 329 331 336 341 342 344 353 363 364 373 375 385 388 391 400 403 409 416 418 422 423 425 426 430 445 464 465 466 478 481 482 485 489 498 502	Nucleotide query: A C T A T A T G T G C A T A C A C T T C T G T G T T A A C G G G T C A G A G C G T C A G C T A T C A T T A T C T G T C T G T A T T A A G T C G T A T G T A T T A A C A C G T G G G T C A C A T A G G C C T A G A G G C C T G A A T T A C T T T T A C C T C T C A T T A A A C C T T T T G T A G C G C C C G C A T T A G C G G C C A T C T A T T A T A C T C A A A A T T G A A T A T A C T A T A A

		506 524 530 536 542 552 553 557 558 563 566 571 572 577 578 581 582 600 602 608 614 615 623 629 634 635 638 644 650 652 661 662 663 675 692 714 716 728 729 749 752 764 768 770 776 779 787 791 794 803 818 867 869 881 892 902 912 943 944 946 948 949 950 953 955 962 963 965 966 968 974 979 980 987 988 989 992 998 1000 1001 1004 1026 1034 1053 1063 1068 1072 1082 1088 1103 1130 1142 1151 1154 1157 1158 1162 1169 1173 1175 1187 1199 1202 1203 1204 1206 1207 1211 1226 1229 1232 1235 1239 1240 1241 1244 1250 1253 1269 1270 1283 1284 1286 1290 1303 1306 1308 1313 1317 1325 1326 1328 1332 1335 1351 1353 1361 1362 1363 1365 1366 1373 1376 1377 1401 1405 1406 1415 1430 1434 1435 1439 1460 1463 1464 1468 1469 1472 1473 1477 1488 1493 1496 1498 1499 1503 1527 1541 1577 1589 1592 1598 1601 1646 1664 1667 1672 1679 1688 1691 1694 1702 1712 1720 1727 1738 1739 1746 1754 1765 1772 1796 1803 1821 1832 1845 1848 1856 1878 1886 1889 1895 1898 1901 1949 1961 1966 1971 1976 2012 2069 2070 2072 2078 2084 2087 2093 2094 2129 2147 2154 2163 2164 2175 2176 2180 2181 2182 2190 2201 2205 2210 2216 2232 2241 2252 2255 2258 2283 2294 2339 2358 2360 2409 2429 2439 2459 2468 2480 2486 2528 2531 2558 2593 2597 2604 2609 2612 2621 2627 2651 2663 2664 2672 2675 2685 2690 2691 2693 2696 2703 2711 2714 2721 2726 2729 2736	C T C T C C T A A G G A T T T A G G A T G T C T C T T C T A A T G C G C T C C G C C G T T A A A C T T C A C C G C G C A T G G C A C C A T T T G C A C C T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C T T A G A T G C T C G A T T T T G G C T C A A C G A A A C C C T C C A T A T T T C G T G T C C T T G T T A G A G T T T A T G A A C T C G C A A A G C A T T G A C T A T G G G A T T G T G A G G C C C G A T T T T T T T T T G T G T C T G C C G T C A A A C C A C T A A C A G T A A T T G C C T C C T A A A G A G T T T T T G C T T G T C A A C
	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Nucleotide Subject:	

		2738 2741 2745 2747 2759 2765 2768 2774 2781 2782 2783 2789 2810 2837 2840 2843 2855 2858 2874 2894 2903 2912 2931 2933 2936 2939 2945 2954 2960 2963 2972 2975 2987 3002 3020 3029 3032 3075 3097 3114 3131 3179 3204 3212 3261 3272 3290 3295 3320 3332 3361 3362 3374 3377 3389 3408 3410 3416 3419 3422 3423 3424 3425 3428 3437 3440 3441 3443 3444 3449 3450 3452 3456 3458 3470 3476 3479 3506 3509 3513 3521 3542 3551 3554 3563 3572 3573 3574	G G A T C C C T T G T C C A G T T A C T T C A T G T A T C C G G A T T C T C C G C T G G T T T C T T G C G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C A C T T C T T T T G G T A T A C T T T A T A A A T A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G A G C C T C A A A A G T G G G T T G T C C T G A C T T A C C T T C T T C G G C T C A A C C C C T T C G T C T G T A
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 5 Homology: 86.30 % Mutasi: 462 Nucleotide ke: 16 25 26 35 37 39 41 42 43 49 53 58 70 71 73 74 75 77 80 84 88 100 103 116 117 118 120 124 127 128 130 133 143 164 171 174 191 194 205 206 212 216 223 224 232 243 247 259 262 263 267 273 279 281 282 283 285 286 291 293 298 303 304 306 315 325 326 335 337 347 350 353 362 365 371 374 378 380 384 385 387 388 392 407 418 420 428 435 440 443 444 447 448 451 453 459 460 462 464 468 486 492 498 504 514 515 519 520 525 528 533 534 540 543 544 562 564 570 576 577 585 591 596 597 600 606 612 614 623 624 625 637 654 676 678 690 691 711 714 726 730 732 738 741 749 753 756 765 780 809 829 831 843 854 864 873 874 875 896 897 903 904 906 908 909 910 913 915 922 923 925 926 928 934 939 940 947 948 949 952 962 965 987 995 1014 1024 1029 1033 1043 1049 1064 1091 1103 1112 1115 1118	Nucleotide query: C A G C A G A G A C A T T A G G G T A G T C C C C A A C T G T A A G C T G T T A A A A G C G G A G C C C G T A T A A A A C G G C G G A A A T A T A T G A G T C T A T T T T G T A C G C A T A T C A T C C C A A T T A A T T C G C G G A A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G T G C C C G A T T C C G C T C T C T A T T T C G A T G C G G A T C T A G A A T T C C C A A G G C C C T T A T C G C C A C G A G C G T C C C T C G A A C T G C G C A A A G C A C G A A T A T T A G C A A A C T C G T G C T A T C A A T T T C G C A G G G A G T G T A T A A T C A T T T G T A G G C A A T G T T G C G G C A C T T T C C G G A T C C T G T C A G A C T C T C T G A G G A T C C G G A T G T C T C G T G T T C T G G C A T C T C T T C C T C C A G T C C C G C A C T T T T T T

		1119 1123 1130 1134 1136 1148 1160 1163 1164 1165 1166 1167 1168 1172 1187 1190 1193 1196 1200 1201 1202 1205 1211 1214 1230 1231 1244 1245 1246 1247 1251 1264 1267 1269 1274 1278 1286 1287 1289 1293 1296 1312 1314 1322 1323 1324 1326 1327 1334 1336 1337 1362 1366 1367 1376 1391 1395 1396 1400 1424 1425 1429 1430 1433 1434 1438 1449 1454 1457 1459 1460 1464 1488 1502 1528 1538 1550 1553 1559 1562 1607 1625 1628 1633 1640 1649 1652 1663 1673 1681 1688 1699 1700 1707 1715 1726 1733 1764 1782 1793 1806 1817 1839 1856 1859 1862 1907 1910 1922 1932 1937 1944 1946 2001 2030 2031 2033 2039 2045 2048 2054 2055 2073 2090 2108 2115 2124 2136 2141 2142 2162 2166 2171 2177 2216 2219 2240 2255 2297 2321 2370 2390 2400 2420 2429 2441 2447 2489 2492 2494 2519 2565 2570 2573 2582 2588 2612 2624 2625 2633 2636 2651 2652 2654 2657 2664 2672 2675 2682 2687 2690 2697 2699 2702 2706 2708 2720 2726 2729 2735 2739 2742 2743 2744 2750 2771 2798 2801 2804 2816 2819 2835 2855 2864 2873 2892 2894 2897 2900 2906 2915 2921 2924 2933 2936 2948 2963 2978 2981 2990 2993 3032 3036 3058 3092 3140 3165 3173 3194 3222 3233 3251 3256 3281 3293 3306 3322 3323 3335 3338 3350 3369 3371 3377 3380 3383 3384 3385 3386 3389 3398 3401 3402 3404 3405 3410 3411 3413 3417 3419 3431 3434 3437 3440 3467 3470 3474 3482	G G T A T A C T T T A T A A A T T A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G A G C C G T C A T A A G T G G T G T T G T C C C C T G A C T T A C C T T C T T C G G C T C A A C T C C C T T C G T C T G T A G
		Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Nucleotide Subject: A C T A T A T G T G C A T A C A C T T C T G T T G C T T A A C G G T T C A C G C G T A G C A T C T T T A C T G T C T G T A T T A A G T C G T A T G T A T C T A A C A C G T A G G A T C A C G A A T T T A G G C C T A G A G G G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C C A T T A A A C C T T T T G T A G C G G C C T C G C A T T A C C C A A G C G G C C A T C T A T T A T A C T C A A T T G A A T A T T C T A T A C C T C T C C T A G T G G G A T T T A G G A T T G G T C T C T T T C T A A T G C G C T C C G C C G T T G A A C T T C A C C C G C A T G G C A C C A T T T C G C A C C T T T G T C C A T T A A G C G T G C G T T A T T A T G T C T G T A G A T T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T C T G T C C T T G T T G A G G T T T A T G A A C C G C A A A G C A T T G A C T A T G G C A T T G T G A G C C C G A T T T T T T T T G T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G T A A T T G C C T C C T A

		3503 3512 3515 3524 3533 3534 3535 3537	A A G A G T T A T T T G C T T G T C A A C T
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Skor: -2 Homology: 80.31 % Mutasi: 171 Nucleotide ke-: 12 18 26 30 32 34 36 50 63 77 96 101 141 142 143 149 155 159 160 161 167 170 179 186 187 191 194 197 200 209 230 235 267 273 285 316 322 329 331 344 345 358 363 370 479 506 519 565 566 570 595 598 611 612 632 634 639 648 667 717 723 739 742 776 788 810 931 1028 1087 1113 1188 1191 1195 1196 1204 1333 1340 1341 1357 1381 1396 1414 1432 1433 1444 1451 1518 1522 1535 1538 1546 1579 1585 1588 1592 1644 1667 1670 1702 1714 1771 1863 1893 1902 1919 1925 1928 1955 1981 1984 2014 2047 2057 2059 2060 2061 2071 2129 2154 2248 2256 2287 2364 2365 2371 2374 2456 2550 2586 2591 2592 2657 2701 2751 2768 2784 2927 2943 2952 2957 2968 2975 2991 3015 3096 3098 3104 3243 3332 3346 3352 3358 3359 3360 3374 3377 3469 3475 3487 3488 3502 3515 3516 3517 3525 3528 3544 3547 3549 3550 3551	Nucleotide query: A A T A T A T T A T T T G T T C A G G C C A A T T T C G G T T A T A A C G C C T T C A C C A C T C A T A A A T A T A G A G A T G G T T T T T T T G G C T G A T A T C T C A T C G T A G A G A G A C C A T G C T T A T T T G G G T A A T T C T T T G G A G A A T G C T C T A T T A T G T G G T G C G G A C A G A T T T T G C C C T A G T C T T G G A T G T T A
4.	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: T G G C G C G C T G A A A C A T G C A G G G C A A T T A C T G C C A C T A A A T T A G G T C G G C T T T G G C T A G C G A A A A G C G G C C G A C A A C G G G C G G G C C T A G G T T T A G G G C G A A C C G G C G A C C C C G C C T A G G T T G A C G A A G G G C G G C G A T C C A G T T A C G T C C C C C G C A A A T G C C A A G A C A C G G C G A A G G

	<p>S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p> <p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p>	<p>772 817 830 887 910 1081 1089 1099 1315 1343 1363 1370 1421 1422 1428 1435 1439 1456 1591 1601</p> <p>Nucleotide Subject: T C A T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C C A A A A T G T C A T T G A G T G T G G T G T T G C C</p>
5.	<p>Skor: 5 Homology:85.45 % Mutasi: 458 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 23 24 39 43 44 47 53 54 60 67 68 69 72 73 74 75 76 81 82 83 89 95 99 100 101 104 110 114 119 126 127 134 137 140 144 145 146 149 156 157 158 159 165 166 169 171 172 180 186 188 203 208 209 212 213 215 218 221 222 223 227 228 235 236 237 238 240 246 252 253 255 256 260 261 262 264 267 268 272 294 299 303 308 314 316 321 323 324 328 339 342 353 354 358 359</p>	<p>Nucleotide query: C G T G G C C T T G A A A T A G G A A A A A C A T G C A G T G A C A A T A C C T T A G A A A A T A C C T G G G C A A A A C C A T C A A G A G G T T T T T T A A A C C T G C A T T T A C G C T A C G C G G A A A T A T A C A A A A G G T T G T T C G T C A A C C A T C C C C T A G A A C G C G G A C G C T C A G T G T C C A C G T T G T C T T T G G A G G G G T G C A A A T A G G A G C G T T T T A A C T G T T A G G T</p>

	1605 bp Tahun: 1989	364 365 367 369 373 374 380 383 384 385 391 393 394 395 405 407 410 423 424 426 429 430 433 445 447 452 454 456 457 463 466 474 475 479 480 481 484 485 490 492 494 496 497 500 504 507 508 515 518 519 520 521 524 526 528 536 537 539 545 548 550 551 557 558 559 560 563 564 565 566 573 576 578 581 591 592 597 603 604 609 613 617 621 631 632 637 639 642 644 645 646 651 660 666 672 673 674 675 678 681 685 687 695 696 697 698 699 704 708 709 710 720 732 735 742 744 750 753 759 763 764 771 774 776 784 785 788 795 800 804 805 808 809 811 816 817 820 821 827 828 829 831 833 834 843 844 846 852 861 870 874 877 880 881 883 887 890 893 894 895 897 898 899 912 915 918 922 923 924 926 931 935 940 942 943 946 947 948 967 968 971 974 975 976 977 978 982 991 998 999 1005 1015 1016 1018 1041 1057 1058 1059 1074 1083 1093 1096 1099 1103 1105 1109 1110 1114 1120 1123 1126 1131 1133 1134 1137 1144 1147 1167 1181 1184 1185 1188 1195 1205 1206 1207 1210 1213 1214 1215 1216 1217 1220 1221 1225 1234 1237 1240 1241 1243 1246 1248 1250 1253 1261 1262 1264 1268 1271 1274 1278 1279 1283 1286 1287 1288 1289 1290 1295 1298 1311 1312 1314 1315 1316 1331 1332 1334 1336 1337 1338 1341 1342 1349 1360 1366 1369 1370 1371 1381 1382 1384 1389 1400 1405 1409 1410 1413 1425 1426 1430 1435 1436 1444 1445 1448 1451 1454 1457 1458 1466 1472 1475 1481 1485	A C A A C A T A G T A A A T G A C C G A A G T G T G T G A T T T A C C A T G G A A C C C A T C A A C G G G T A T C T A T T T T T G G T G T T T A T G T G G C T C C A C A G G C G C T T T A G G A A T A T T T A A A G T C T G A G A C A A G C C T A A A G A A T T A A C G C A A C A C G T C T A T A G C T A T A C A T T A G A A A A A T C T A T T G T G T G G A G A T T G T A C G G C G T A A T G A A G G A T T C C G C T G T T T T T G G G G C C A T A C C A T T A T A T A A A G A A T C C A T A C T A T T A G T A A G T T C A C C A G C A C G A A
	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject:	A C C T C T C T G A C T G C T A C A C A G T T C G T G C A G G C C C A G T T T T G T G G C G T A T T T T G A C A A G T A T T T T T C T T T C G T G C T T C T G A C G G C G T C T G G G T T G C C T G T A C T A T A A A A G T G G C C C G G C T C A A C A C G C A A A A T T A T T A T G A A C C C C T A T A T T G G A A A A T T C C A A T T G T T C C C T G A G G C A C A A T T A T T G G G C T T A G A G T A C C C T T T A C A A T T T G G G T C A G G C T T C T C T A C T T A C G G T G C A A C C G A A A G T A T C T T T C G T T C T G G G A C A A C G G T T C C G A A C A A A C A C A T A T A A T T A G G G T T G T T A A T G A

		1487 1488 1494 1496 1497 1498 1499 1502 1503 1513 1517 1522 1528 1529 1531 1537 1540 1543 1546 1548 1555 1558 1561 1574 1578 1583 1586 1589 1590 1604 1607 1608 1609 1610 1612 1613 1614 1616 1619 1620 1631 1634 1638 1647 1649 1652 1656 1658 1659 1660 1662 1664 1665 1667	C C A C G T G C A C T T C A G G C A T C G G G G C T T C T T T A T C A T G T T A G C A T T A G T A T A G T G C G C T T C A A C A C T G G A A C C A A A C T T A A A C T G A C A C T T T C G C T G A C T A C A C T T A T A T C C C C C A A A A T G G T T T G C C G A C C G G T T T T A A T T A C T C C A G T T C T G A C C A G A A C T T T A A C T
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	Skor: 5 Homology: 81.49 % Mutasi: 274 Nucleotide ke:- 8 9 11 12 13 15 18 22 26 38 54 55 56 62 65 66 68 71 132 138 143 144 147 150 154 161 162 170 181 185 200 201 205 206 211 217 219 220 221 223 224 229 231 236 241 242 244 253 263 264 273 275 285 288 291 300 303 304 309 312 316 318 322 323 325 326 330 345 348 352 355 366 373 378 381 382 385 389 394 397 398 402 406 424 430 442 452 453 457 458 463 466 471 472 478 481 482 500 502 508 514 515 523 529 534 535 538 544 550 552 561 562 563 575 592 614 616 624 628 629 649 652 664 668 670 676 679 687 691 694 695 703 718 767 769 781 792 802 811 812 813 834 835 841 842 844 846 847 848 851 853 857 860 861 863 864 866 877 878 881 885 886 887 890 900 925 933 952 954 962 963 967 971 981 987 1002 1007 1041 1050 1053 1056 1057 1061 1068 1072 1086 1098 1102 1103 1104 1105 1106 1110 1116 1125 1128 1134 1137 1138 1139 1140 1143 1148 1149 1152 1168	Nucleotide query: T A C A C T T C T G T G C A A C G G G G C G T T T A G T A T C T T A T C T G T C T G T A T T A A G T C G T A T G T A T T C C T A A C A C G T C C C T G A T C A C A C T C A G G C T A G A G G G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C C A T T A A A G C C T T T G T G G C G G T C C C G C A T T A C C A A G C G G C C A A T C T A T A T T A C T C A T T G T A G A T A T T G T A T A A C T C C C A G T G G A C T T A T G G A T T G G T C T C T T C T A A T G C G C T C C G C C G T T A A C T T C A C C C G C A T G G A C C A T T T T C A T T C A C C T T C T G T T C C C A T T
	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding	Nucleotide Subject: A G G G T A G T C C C A A T G T A A T T A A A A G C G G A G C C G C T A T A A A A A C G G C G G A A A T A T G A G T C C T A T T T G T A C T A G A T A T C A C T C A T A A T C G C G A	

	the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	1169 1182 1183 1185 1189 1202 1205 1207 1212 1216 1224 1225 1227 1231 1234 1250 1252 1260 1261 1262 1264 1265 1272 1275 1300 1304 1305 1314 1329 1333 1334 1338 1362 1363 1367 1368 1371 1372 1376 1392 1395 1397 1398 1402 1425 1426 1440 1443 1450 1473 1479 1488 1491 1497 1500 1545 1563 1566 1571 1578 1581 1587 1590 1593 1601 1611 1619 1626	A T G A G G G C A G T C C C C T T T C T A G T G C C C G A A T C C G C T C T C T A C T T G A T G C G G A T C T A G A A T T C T C A A G G G C C A T T A T C C C A C C T G A G C G A C C C T C G A A T T G G C A A A G T C C G C A A T A C C T A G C A A C T C G T G C T A T C A A T T T C G C G G G A G T G T A T A A T C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C
7.	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	Skor: -303 Homology: 94.98% Mutasi: 27 Nucleotide ke-: 112 188 269 281 347 348 350 352 807 808 867 916 953 954 998 1025 1033 1092 1094 1116 1128 1138 1236 1375 1383 1581 1614	Nucleotide query: G G C A A G G G C G T G C C T A G T T C C C T T C T T C
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession:		Nucleotide Subject: A A T C G T C T C G T T A G G N C C A T T C C T C C T

	X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		
8.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Skor: 5 Homology: 97.18 % Mutasi: 44 Nucleotide ke-: 58 113 134 215 226 227 229 296 298 299 305 306 334 337 634 726 753 754 813 816 836 840 862 891 899 931 971 979 1011 1062 1065 1084 1086 1092 1181 1182 1195 1321 1329 1410 1413 1527 1533 1560	Nucleotide query: A C A T G C C C T C C A T C C T C G T C G A T C A A N C T T C C C T C C T T C G C C C T
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: G T G C C A G G C A T C A T T G G T G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C
9.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S)	Skor: 5 Homology: 98.01 % Mutasi: 31 Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 226 227 229 299 305 306 337	Nucleotide query: T T C C C C A G A T C T A A G T T C C T C G T A T C C G T T T

	gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	362 364 726 816 836 837 870 890 931 969 979 1040 1181 1195 1321 1479 1506 1527 1533	
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: C C A T T G G C C C A C G G T C A A T G A C C C C T T C G C C
10.	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -37 Homology: 39.01% Mutasi: 138 Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 250 253 254 261 262 267 270 281 284 285 301 305 306 315 325 333 334 352 397 488 491 513 564 648 672 708 764 772 774 816 825 826 833 851 882 916 987 988 1110 1131 1136 1137 1159 1162 1213 1222 1237 1242 1256 1279 1281 1319 1330 1344 1368 1372 1374 1375 1376 1385 1386 1393 1423 1554 1672 1706 1749 1751 1802 1857 1930 1966 1973 2038 2039 2043 2049 2051 2065 2067 2084 2090 2259 2384 2412	Nucleotide query: T T A G C G T C A G C T A T T C T A T G T C T G T C A A T T A A G A C C T T T G A C A A A C T C T T T A G G T T A T A C A T A T A A A T C A T A G T A T C A T A G T T T T C T A T G T G G A A G G T T G T T T T T T A A A T C G A T T T A T C G T T A T A A A A A T T T T G G A T T
	Avian infectious		Nucleotide Subject: C C T T A A A T G C G C G A G A C G C A

	bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	2425 2489 2517 2624 2654 2715 2764 2805 2847 2934 2952 3109 3115 3185 3186 3192 3195 3237 3309 3325 3335 3343 3348 3380 3406 3413 3419 3424 3462 3467 3470 3503 3530 3531 3533 3545 3546 3549 3610 3623 3632 3634 3636 3638 3641 3644 3645	A A A T A T G C G G C C C T G A A G G C C G T G C G A A G G G C A A G A C A C T G G C G G C C A T G G G C A T G G T C T T A G C A G C C C T G T A G G C C G C A C G A A G G G T G G G T C G A A G G G A A A C G G T G C C A G G C T C G G C
--	--	---	--

Tabel B. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 5, mismatch= -3, dan gap= 3

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -109 Homology: 84.17% Mutasi: 360 Nucleotide ke-: 54 63 64 74 83 89 93 98 114 115 116 118 121 125 129 141 161 169 178 188 216 237 240 251 252 278 281 292 296 300 311 312 316 317 322 331 343 345 350 355 356 358 367 377 378 387 389 406 415 418 424 431 433 437 438 440 441 445 460 482 494 502 506 515 519 523 541 547 553 559 582 585 591 595 601 602 620 622 628 634 635 643 649 654 655 658 664 670 672 682 696 713 735 737 749 750 770 773 785 798 801 809 813 816 825 840 889 891 903 914 924 934	Nucleotide query: A C T T T G C A C A C T T C T G G A G T C A G C G T A T C A T T A T C C T A T T A A G T C G T G T A T T A A C A C G T G T C A T A G G C C T G C C T A T T A C T T T T A C C T C T A T A A A C C T T T T A G C G C C C G C A T T C C A T T A T C C C A A A A T T G A A T A T A C T A C T C T C C T A T T T G G T C T T C T A A T G C T C C G T A A A C T T C A C C G C G T G G C A C C A T T T G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C T T A G T G C T C T T T T G G C T C A A A A A C C C T C C C A T A T T T C G T G T C C T T G T T A G A G T T T A T A C T C G C A A A G C A T A A T G G G T G T G A G C C C G A T T T T T T T T G T C T

		971 978 980 995 1001 1006 1007 1015 1020 1026 1028 1029 1032 1054 1062 Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	G C C G T C A A A C C A C T A A C A G A T T C A A G T T T T T G C T T G T C A Nucleotide Subject: C A G C C A T T G G T A G T C C C G A G T T T A A C G A G T C C G C T A C G G C G G A A A T A A G T C A T T T G T A C A A A C A T A A T T C A T A A G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T G A T G C G A T C G C C C T T C T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C G C A C T T A G A C T C G T G A T C A A T C G C G G A G T G T A A T A C A A T T T G T A G C A T G T T G C G C A C T T T T C C G G A T C C T T G T C C A G T T A C T T C A T G T C C G G A T T C T C C T G G T T T C T T G C G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C T T C T T T T G G T A T A T T A A A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C T C A A A A G T G G G T T G T C C C T G A T A C T C C A A C C C C T T C G T C T T
--	--	--	--

		3251 3259 3308 3319 3337 3342 3367 3379 3408 3409 3421 3424 3436 3464 3468 3478 3487 3497 3505 3509 3511 3523 3529 3532 3559 3562 3566 3574 3595 3604 3607 3616 3626	
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 5 Homology: 86.31 % Mutasi: 361 Nucleotide ke-: 16 25 26 36 45 51 55 60 76 77 78 80 83 87 91 103 106 125 129 140 150 171 178 181 198 201 212 213 219 223 240 251 255 267 270 271 275 281 290 302 304 309 314 315 317 326 336 337 346 348 365 374 377 383 393 397 398 400 401 405 420 442 449 454 462 463 466 468 475 477 484 502 508 514 520 543 546 551 552 558 561 562 580 582 588 594 595 603 609 614 615 618 624 630 632 642 656 673 695 697 709 710 730 733 745 758 761 769 773 776 785 800 829 849 851 863 874 884 894 931 938 940 955 961 966 967 975 980 990 993 1015 1023 1042 1052 1057 1061 1071 Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Nucleotide query: C A G C C A T T T G G T A G T C C C C T A G C T G T T A A A G G A G G C C C G T A C G G G C G G A A A T A A G T C T T T T G T A C A T A A T C C A A A A T T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G G C C C G A T C C G C T C T A T T T C G A T G C G A T C C G C C C T T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C C A A A G C A C T T A G A A C T C G T G A T C A A T C G G A G T G T A T A C A A T T T G T A G C A A T T G T T G C G C A C T T T C C G G A T C C T G T C A G A C T C T C T G A G G C C G G A T G T C T C G T G T T C T G G C A T C T C T T C C T C C A G T C C C G C T T T T T T G G T A T A T T A A A T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C G T C A T A A G T G G T G T T G T C C C C T G A T A C T C C A A C T C C C T T C G T C T T G
		1077 1092 1119 1131 1140 1153 1160 1164 1166 1178 1191 1194 1197 1198 1199 1203 1218 1221 1224 1245 1248 1264 1265 1281 1282 1286 1299 1302 1304 1309 1313 1325 1329 1332 1348 1350 1361 1374 1401 1405 1406 1415 1430 1434 1435 1439 1463 1464 1473 1474	Nucleotide Subject: A C T T T G C A C A C T T C T G T T A G T T C A C G C G T A A T C T T T A C C T A T T A A G T C G T G T A T A A C A C G T G A T C G A A T T G G C C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A C C T T T T A G C G G C C T C G C A T T T C C A

		1478 1489 1494 1497 1499 1500 1504 1528 1542 1568 1578 1590 1593 1599 1602 1647 1665 1668 1673 1680 1689 1692 1703 1713 1721 1728 1739 1740 1747 1755 1766 1773 1804 1822 1833 1846 1857 1879 1896 1899 1902 1947 1950 1962 1972 1977 1984 1986 2041 2074 2080 2086 2089 2095 2096 2114 2131 2149 2156 2165 2177 2182 2183 2203 2207 2212 2218 2257 2260 2281 2296 2338 2362 2411 2431 2441 2461 2470 2482 2488 2530 2533 2535 2560 2606 2611 2614 2623 2629 2653 2675 2678 2693 2694 2696 2699 2706 2714 2717 2724 2729 2732 2745 2764 2770 2773 2779 2796 2817 2844 2847 2850 2862 2865 2881 2901 2910 2919 2938 2940 2943 2946 2952 2961 2967 2970 2995 3010 3025 3028 3037 3040 3079 3083 3105 3139 3187 3212 3220 3241 3269 3280 3298 3303 3328 3340 3353 3369 3370 3382 3385 3397 3425 3429 3439 3448 3458 3466 3470 3472 3484 3487 3490 3493 3520 3523 3527 3535 3556 3565 3568 3577 3587 3591	T T A T C C C A A T T T G A A T A T T C T A C T C T C T A T G G A T T T G G T C T T T C T A A T G C T C C G G A C T T C A C C C G T G G C A C C A T T T C G C A C C T T T G T C C A T T A A G C G T G C G T T A T T A T G T C T G T A T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T C T G T C C T T G T T G A G T T T A T A C C G C A A A G C A T A A T G G G T G A G C C C G A T T T T T T T T T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G A T T C A A G T T A T T T G C T T G T C A T
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen:	Skor: 2 Homology: 80.51 % Mutasi: 140 Nucleotide ke-: 12 18 26 30 32 34 36 50 63 77 96 101 144 150 156 163 169 172 181 188 189 193 196	Nucleotide query: A A T A T A T T A T T T T C A C A A T T T C G T T A T A A C G C C T T C A C C A G T A A A A T A G A G T G T T T T T T T C T G A T A T C A T C G T A G G A C C A A T T A T T T T A A A T T C A G A G A A T G

	3554 bp Tahun: 1986	199 202 211 232 237 269 275 287 318 324 331 333 346 347 360 365 372 416 427 437 450 599 616 636 638 643 652 671 726 747 781 793 815 936 1033 1092 1118 1201 1202 1210 1339 1346 1347 1403 1421 1439 1440 1451 1458 1525 1529 1542 1587 1593 1596 1600 1652 1659 1723 1780 1872 1897 1901 1918 1965 1991 1994 2024 2058 2141 2171 2177 2244 2260 2268 2299 2376 2377 2383 2386 2468 2562 2598 2603 2604 2669 2713 2763 2780 2796 2939 3010 3016 3092 3105 3118 3128 3129 3257 3346 3360 3366 3372 3373 3374 3388 3391 3478 3480 3491 3493 3521 3533 3536 3545 3552 3558	C T C T A T T A T G T G G T T T T A A C A T T T T G C C C T A G G A G G A A C A Nucleotide Subject: T G G C G C G C T G A A A T G G G G C A A T T A C T G C C A C T A A A T T A G G C C T C G G C T A G C A A A G C G C C G A A C G G G G G C C T A G G T A G G G C T C C G G G A C C G C C A T T T A C G A A G G G C G G C G A T C C A G C G C C G G C G C A A A T G C G T A C C A C G G T
4.	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Skor: 5 Homology: 96.33% Mutasi: 51 Nucleotide ke-: 5 21 24 39 47 103 146 147 148 160 170 174 177 244 253 299 306 320 336 338 346 399 400 428 435 442 506 553 668 674 739 741 754 774 819 832 889 912 1083 1091 1101 1317 1345 1365 1372 1431 1438 1442 1459 1594 1604	Nucleotide query: G C T T A G A C C C A G T A C C T T A C C C G A T A T C G G G T C A G T G G C A G A C A A C A G C A T A
	Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete		Nucleotide Subject: T T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C A A A T G T C A T T G A G T G T G G T T G C C

	cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989		
5.	Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Skor: 5 Homology:86.97 % Mutasi: 284 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 40 59 60 69 80 81 86 87 88 94 100 107 110 116 120 125 132 133 140 143 146 164 169 174 177 184 188 190 195 197 212 217 218 221 222 224 227 233 237 238 245 246 247 248 250 256 262 263 265 266 273 275 278 279 283 305 310 314 319 336 343 352 355 376 389 398 401 410 415 425 427 430 443 444 446 449 450 453 473 474 475 483 495 501 506 507 517 535 536 545 554 567 568 570 576 579 581 582 591 592 596 599 606 609 611 614 624 625 630 636 637 642 646 650 654 672 679 680 681 686 695 701 707 708 709 710 713 716 733 742 749 759 771 774 781 783 789 792 798 811 814 816 829 836 841 850 851 853 862 866 890 899 908 917 928 929 931 935 938 943 949 962 965 968 972 973 974 976 981 985 994 997 998 999 1018 1019 1022 1026 1027 1030 1034 1043 1058 1069 1095 1112 1129 1138 1148 1151 1154 1165 1166 1170 1176 1179	Nucleotide query: C G T G C A A T A A A C A T G G T G A C A A T A C G A A A G C T A G G G C A A A A A C T C A A G A G G T T T T T T A A C C T G C A T C T A C T A A A A G T T G T T C G T C C G C C G G A G A G C C G C A C G T G T T T G G G G G T G C A A A T A G G C T T T A A C T G T T A G A A G T A A A T G A C A A G T G T T T T C A A C A A G G T A T T T T G G T G T T T A T G G C T C C C A G C G T T G A A T T A A T C T G A G A C A A G C C T A A A G A T T A A C G T A T A C T A T T G T G G A G A T T T C G C G T A G C G C T T T T T G C A T T A T A A A G A A T C C A C T T T C A C C G C A C G A
	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: A C C T G T T C T C G T G C A C C C A G T T T G T G T G T A G G C T A T T T T C T T G T G C T T C T G A C G C C T G G G T T G C A A T A A G C G T A C A C G C A A A A T T A T A C T T T A A A A T G T T C C C A G C A A T T A T T G G G C T T T A T C C C T T T A C A A T T T G T C T C T A C T T G G T A A C A A A A T T T G G G A A C G G C A C A A A C A C A T A A T T A G G T T T A A A C C G C A C T T G G C A T C G G G G C T T C T T T A C G T T T A A G G	

		1182 1187 1189 1190 1193 1200 1203 1223 1237 1240 1241 1244 1251 1262 1264 1271 1285 1294 1297 1304 1328 1332 1335 1338 1348 1363 1366 1386 1402 1407 1408 1409 1412 1413 1420 1431 1437 1441 1453 1454 1456 1461 1472 1477 1488 1525 1528 1531 1544 1550 1553 1559 1565 1572 1595 1599 1604 1611 1620 1623 1626 1629 1631 1638 1641 1644 1657 1661 1666 1669 1688 1692 1719 1722 1726 1735 1737 1740 1745 1747 1748 1750 1751 1756	C T T A G A A C A A A C T G A C A T T T C G C T T A T C C C C A T T G C G C C G G T T T T A A T T T C C C A G A A C T T T A T
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	Skor: 5 Homology: 81.43 % Mutasi: 197 Nucleotide ke-: 12 13 14 16 19 23 27 39 65 76 137 143 148 149 152 155 159 176 187 191 206 207 211 212 217 226 238 240 245 250 251 253 262 272 273 282 284 301 310 320 330 334 335 337 338 342 369 380 387 392 400 404 409 418 422 440 446 458 481 484 489 490 496 499 500 518 520 526 532 533 541 547 552 553 556 562 568 570 580 594 611 633 635 643 647 648 668 671 683 696 699 707 725 740 789 791 803 814 824 834 871 878 880 884 895 917 922 932 957 965 984 986 994 995 999 1003 1013 1019 1034 1039 1073 1082 1095 1102 1106 1120 1132 1139 1140 1141 1145 1151 1160	Nucleotide query: C A C T T C T G A G G G C G T T A A T C T T A T C C T A T T A A G T C G T G T T A A C A C G T G A T C A C A G G C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A G C C T T T T G G C C C G C A T T C C A A T C C C A T T G T A G A T A T T G T A C T C C C T G G A C T T T T G G T C T T C T A A T G C T C C G T A A C T T C A C C C G T G G A C C A T T T T C A T T C A C C T T C T G T T C C C A T T
	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen:	Nucleotide Subject: G G T A G T C C T A T T A A A A G G A G G C C G C T A C G G G C G G A A A T A A G C T T T G T A G A T A A C T T A A T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G C C C C G A A T C C G C T C T T G A T G C G A T C T G T T C C C A C C T G A G C G A C C G A A T G A A A G T C C A C C T A G A C T C	

	1614 bp Tahun: 1989	1163 1173 1186 1187 1190 1206 1207 1224 1228 1241 1244 1246 1251 1255 1267 1271 1274 1290 1292 1303 1314 1317 1342 1346 1347 1356 1371 1375 1376 1380 1404 1405 1414 1415 1419 1435 1438 1440 1441 1445 1468 1469 1483 1486 1493 1516 1522 1531 1534 1540 1543 1588 1606 1609 1614 1621 1624 1630 1633 1636 1644 1654 1662 1669	G T G A T C A A T C G G G A G T G T A T A C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C
7.	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	Skor: -127 Homology: 94.99% Mutasi: 23 Nucleotide ke:- 112 188 269 281 351 353 869 918 955 956 1000 1027 1035 1094 1096 1118 1130 1140 1238 1377 1385 1583 1616	Nucleotide query: G G C A G C G C C T A G T T C C C T T C T T C C
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: A A T C C T T T A G G N C C A T T C C T C C T
8.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike	Skor: 5 Homology: 97.19 % Mutasi: 36 Nucleotide ke:- 58 113	Nucleotide query: A C A T C T T C C T T C G A T C A A N C T T C C C T C C T T C G C C C T

	<p>glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58067</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	<p>134 215 230 298 337 340 637 729 817 820 840 844 866 895 903 935 975 983 1015 1066 1069 1088 1090 1096 1185 1186 1199 1325 1333 1414 1417 1531 1537 1564</p>	
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58066</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>		<p>Nucleotide Subject: G T G C G G A T T T G G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C</p>
9.	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58066</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	<p>Skor: 5 Homology: 98.02 % Mutasi: 27 Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 227 300 339 364 366 728 818 838 839 872 892 933 971 981 1042 1183 1197 1323 1481 1508 1529 1535</p>	<p>Nucleotide query: T T C C C A A T A A G T T C C T C G T A T C C C G T T T</p>
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58065</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>		<p>Nucleotide Subject: C C A T T G C C G G T C A A T G A C C C C T T C G C C</p>

10.	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -13 Homology: 39.13% Mutasi: 117 Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 270 273 284 287 288 304 308 309 318 328 336 337 355 400 522 700 766 793 816 842 923 926 934 949 1302 1385 1392 1424 1460 1525 1559 1560 1564 1609 1613 1621 1628 1705 1725 1738 1745 1767 1768 1776 1800 1808 1850 1853 1973 2030 2035 2071 2072 2116 2196 2200 2205 2224 2244 2245 2248 2293 2419 2450 2508 2554 2612 2630 2631 2679 2690 2718 2726 2738 2739 2747 2773 2814 2856 2925 2942 2944 2949 2970 2972 3074 3078 3092 3104 3105 3119 3165 3176 3177 3181 3193 3197 3214 3269 3287 3300 3360 3401 3402 3436 3440 3497 3520 3552 3589 3621	Nucleotide query: T T A G C G T A T T C T A T G T C T G T A A G C T T T T T A C T T T A C C A A T A G G G T C T A C T T A T A A C T A C T C T T G T T T A T T A G C G A T T T A A A G T A C T T T G G T T G G T A C
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Nucleotide Subject: C C T T A A C G A G A C G C A A A A A T A G G C A A G G G T A C G G T A T C C C A A C C A A C A A G T T A G C G T A T C C C C A A C A G T C G T G A A G A A C C G C G T G G G G G G C A A A G G A A T A T C T G C G C C C C C A C G G A A C C C C C T G	

Tabel C. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 9, mismatch= -4, dan gap= 4

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). Accession: X02342 Panjang Sekuen:	Skor: -143 Homology: 84.13% Mutasi: 356 Nucleotide ke-: 54 63 64 74 83 89 93 98 124 128 132 144 164 172 181 191 219 240 243 254 255 281 284 295 299 303 314 315 319	Nucleotide query: A C T T T G C A T C T G G A G T C A G C G T A T C A T T A T C C T A T T A A G T C G T G T A T T A A C A C G T G T C A T A G G C C T G C C T A T T A C T T T T A C C T C T A T A A A

	<p>3645 bp Tahun: 1985</p> <p>Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986</p>	<p>320 325 334 346 348 353 358 359 361 370 380 381 390 392 409 418 421 427 434 436 440 441 443 444 448 463 485 497 505 509 518 522 526 544 550 556 562 585 588 594 598 604 605 623 625 631 637 638 646 652 657 658 661 667 673 675 685 699 716 738 740 752 753 773 776 788 801 804 812 816 819 828 843 892 894 906 917 927 937 974 981 983 998 1004 1009 1010 1018 1023 1029 1031 1032 1035 1057 1065 1084 1094 1099 1103 1113 1119 1134 1161 1173 1182 1195 1202 1206 1208 1220 1232 1237 1246 1261 1264 1267 1288 1291 1307 1308 1325 1329 1342 1345 1347 1352 1356 1368 1372 1375 1391 1393 1404 1415 1418 1419 1443 1447 1448 1457 1472 1476 1477 1481 1502 1505 1506 1515 1516 1520 1531 1536 1539 1541 1542 1546 1570 1584 1620 1632 1635 1641 1644 1689 1707 1710 1715 1722 1731 1734 1737 1745 1755 1763 1770 1781 1782 1789 1797 1808 1815 1839 1846 1864 1875 1888 1891 1899 1921 1929 1932 1938 1941 1944 1992 2004 2009 2014 2019 2055 2116 2122 2128 2131 2137 2138 2173 2191 2198 2207 2208 2225 2226 2227 2235 2246 2250 2255 2261 2277 2286 2297 2300 2303 2328 2339 2384 2403 2405 2454</p>	<p>C C T T T T A G C G C C C G C A T T C C A T T A T C C A A A A T T G A A T A T A C T A C T C T C C T A T T T G T C T T C T A A T G C T C C G T A A A C T T C A C C G C G T G G C A C C A T T T G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C T T A G T G C T C T T T G G G C T C A A A A A C C C T C C A T A T T T C G T G T C C T T G T T A G A G T T T A T A C T C G C A A A G C A T A A T G G T G T G A G C C C G A T T T T T T T T G T C T G C C G T C A A A C C A C T A A C A G A T T C A A G T T T T T G C T T G T C A</p> <p>Nucleotide Subject: C A G C C A T T G T C C C G A G T T T A A C G A G T C C G C T A C G G C G G A A A T A A G T C A T T T G T A C A A A C A T A A T T C A T A A G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T T C C G C T C T A T T G A T G C G A T C G C C C T T C T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C G C A C T T A G A C T C G T G A T C A A T C G C G G A G T G T A A T A C A A T T T G T A G C A T G T T G C G C A C T T T C C G G A T T C C T T G T C C A G T T A C</p>
--	---	--	--

		2474 2484 2504 2513 2525 2531 2573 2576 2603 2638 2642 2649 2654 2657 2666 2672 2696 2718 2721 2731 2736 2737 2739 2742 2749 2757 2760 2767 2772 2775 2788 2807 2813 2816 2822 2832 2838 2859 2886 2889 2892 2904 2907 2923 2943 2952 2961 2980 2982 2985 2988 2994 3003 3009 3012 3037 3052 3070 3079 3082 3125 3147 3164 3181 3229 3254 3262 3311 3322 3340 3345 3370 3382 3411 3412 3424 3427 3439 3467 3471 3481 3490 3500 3508 3512 3514 3526 3532 3535 3562 3565 3569 3577 3598 3607 3610 3619 3629	T T C A T G T C C C G G A T T T C T C C T G G T T T C T T G C G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C T T C T T T T G G T A T A T T A A A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C T C A A A A G T G G G T T G T C C C T G A T A C T C C A A C C C C T T C G T C T T
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 9 Homology: 86.27 % Mutasi: 357 Nucleotide ke-: 16 25 26 36 45 51 55 60 86 90 94 106 109 128 132 143 153 174 181 184 201 204 215 216 222 226 243 254 258 270 273 274 278 284 293 305 307 312 317 318 320 329 339 340 349 351 368 377 380 386 396 400 401 403 404 408 423 445 452 457 465 466 469 471 478 480 487 505 511 517 523 546 549 554 555 561 564 565 583 585 591 597 598 606 612 617 618 621 627 633 635 645 659 676 698 700 712 713 733 736 748 761 764 772 776 779 788 803 832 852 854 866 877	Nucleotide query: C A G C C A T T T G T C C C C T A G C T G T T A A A G G A G C C C G T A C G G C G G A A A T A A G T C T T T G T A C A T A A T C C A A A A T T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T C G A T T G C G A T C G C C C T T C G C C A C G A G G C G T C C G A A C T G C A A A A G C A C T T A G A A C T C G T G A T C A A T C G G A G T G T A T A C A A T T T G T A G C A A T G T T G C G C A C T T T C C G G A T C C C G T C A G A C T C T C T G A G G C C G G A T G T C T C G T G T T C T G G C A T C T C T T C

		887 897 934 941 943 958 964 969 970 978 983 993 996 1018 1026 1045 1055 1060 1064 1074 1080 1095 1122 1134 1143 1156 1163 1167 1169 1181 1194 1197 1200 1201 1202 1206 1221 1224 1227 1248 1251 1267 1268 1284 1285 1289 1302 1305 1307 1312 1316 1328 1332 1335 1351 1353 1364 1377 1404 1408 1409 1418 1433 1437 1438 1442 1466 1467 1476 1477 1481 1492 1497 1500 1502 1503 1507 1531 1545 1571 1581 1593 1596 1602 1605 1650 1668 1671 1676 1683 1692 1695 1706 1716 1724 1731 1742 1743 1750 1758 1769 1776 1807 1825 1836 1849 1860 1882 1899 1902 1905 1950 1953 1965 1975 1980 1987 1989 2044 2077 2083 2089 2092 2098 2099 2117 2134 2152 2159 2168 2180 2185 2186 2206 2210 2215 2221 2260 2263 2284 2299 2341 2365 2414 2434 2444 2464 2473 2485 2491 2533 2536 2538 2563 2609 2614 2617 2626 2632 2656 2678 2681 2696 2697 2699 2702 2709 2717 2720 2727 2732 2735 2748 2767 2773 2776 2782 2799 2820 2847 2850 2853 2865 2868 2884 2904 2913 2922 2941 2943 2946 2949 2955 2964 2970 2973 2998 3013 3028 3031 3040 3043 3082 3086 3108 3142 3190 3215 3223 3244 3272 3283 3301 3306 3331 3343 3356	C T C C A G T C C C C G C T T T T T T G G T A T A T T T A A A T C A T A T A A A T C A A C G G G C G G C C G T C A T A A G T G G T G T T G T C C C C T G A T A C T C C A A C T C C C T T C G T C T T G
	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Nucleotide Subject: A C T T T G C A T C T G T T A G T T C A C G C G T A A T C T T T T A C C T A T T A A G T C G T G T A T A A C A C G T G A T C G A A T T T G G C C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A C C T T T T T A G C G C C T C G C A T T C C A T T T A C C A A T T T G A A T A T T C T A C T C T C T A T G G A T T T G G T C T T T C T A A T G C T C C G G A C T T C A C C C G T G G C A C C A T T T T C G C A C C T T T T T G T C C A T T T A A G C G T G C G T T A T T A T G T C T T G T A T T T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T T C T G T C C T T G T T T G A G T T T A T A C C G C A A A G C A T A A T G G G T G A G C C C G A T T T T T T T T T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G A T T C A A G T T A T T T G C T T G T C A T	

		3372 3373 3385 3388 3400 3428 3432 3442 3451 3461 3469 3473 3475 3487 3490 3493 3496 3523 3526 3530 3538 3559 3568 3571 3580 3590 3594	
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Skor: 5 Homology: 80.49 % Mutasi: 128 Nucleotide ke-: 12 48 84 104 121 149 214 263 289 328 329 346 352 450 453 461 462 463 465 467 487 495 505 519 571 585 590 597 613 619 632 649 650 652 660 673 718 725 732 808 848 859 870 880 881 897 941 942 972 990 1000 1058 1146 1160 1317 1327 1336 1340 1349 1403 1408 1434 1436 1439 1459 1465 1466 1489 1528 1532 1545 1590 1596 1599 1603 1655 1662 1726 1783 1875 1900 1904 1921 1968 1994 1997 2027 2061 2144 2174 2180 2247 2263 2271 2302 2379 2380 2386 2389 2471 2565 2601 2606 2607 2672 2716 2766 2783 2799 2942 3013 3019 3095 3108 3121 3131 3132 3260 3349 3363 3369 3398 3489 3510 3538 3544 3568 3577	Nucleotide query: A A C A T C C A T T G T G T T T T T C G T T T G C A T C T A G T A T A A A T T G T A T T T C G C T T C T C T C T G C T A A A T A A A T T T G T A G G G A C C C A A T T A T T T T A A T T C A G A G A A T G C T C T A T T A T G T G G T T T A A C A T T T T A A T T A T A
	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: T C G G A G C A C A C C C C G G G G A A G G G A G C G G C G A G C C G T T C C C C C G G G G G T G G G G C G T C A G G G G G G G G G A G G T G G T A G G G C T C C G G G A C C G C C A T T T A C G A A G G G C G G C G A T C C C A G C G C C G G C G C A G C G A C G G G	
4.	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession:	Skor: 9 Homology: 96.33% Mutasi: 51 Nucleotide ke-: 5 21 24 39 47 103 146 147 148 160 170 174 177 244 253 299 306 320 336 338 346 399 400 428 435 442 506 553	Nucleotide query: G C T T A G A C C C A G T A C C T T A C C G A T A T C G G G T C A G T G G C A G A C A A A C A G C A T A

	M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	668 674 739 741 754 774 819 832 889 912 1083 1091 1101 1317 1345 1365 1372 1431 1438 1442 1459 1594 1604	
	Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989		Nucleotide Subject: T T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C A A A T G T C A T T G A G T G T G G T T G C C
5.	Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Skor: 9 Homology: 86.67 % Mutasi: 261 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 40 59 60 69 80 81 86 87 88 94 100 107 110 116 120 125 132 133 140 143 146 153 156 166 167 185 191 200 222 223 226 231 239 240 244 247 250 263 276 277 316 321 325 330 347 354 363 366 387 400 409 412 421 426 436 438 441 454 455 457 460 461 464 484 485 486 494 506 512 517 518 528 546 547 556 565 578 579 581 587 590 592 593 602 603 607 610 617 620 622 625 638 639 660 664 668 686 693 694 695 700 709 715 724 725 750 759 766 776 788 791 798 800 806 809 815 828 831 833 846 853 858 867 868 870 879 883 907 916 925 934 945 946 948 952	Nucleotide query: C G T G C A A T A A A C A T G G T G A C A A T A C T A A A G T G G C C G A A A G C G A A G C A T C T A C T A A A A G T T G T T C G T C C G C C G G A G A G C C G C A C G T G T T T G G G G G T A A A G G C T T T A A C T G A A G T A A A T G A C A A G T G T T T T C A A C A A G G T A T T T T G G T G T T T A T G G C T C C C A G C G T T G A A T T A A T C T G A G A C A A G C C T A A A G A T A A C G T A T A C T A T T G T G G A G A T T T C G C G T A G C G C T T T T T G C A T T A T A A A G A A A T C C A C T T T C A C C G C A C G A
	Avian infectious bronchitis virus (strain H120)		Nucleotide Subject: A C C T G T T C T C G T G C

	<p>peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.</p> <p>Accession: M21970</p> <p>Panjang Sekuen: 1611 bp</p> <p>Tahun: 1989</p>	<p>955 960 966 979 982 985 989 990 991 993 998 1002 1011 1014 1015 1016 1035 1036 1039 1043 1044 1047 1051 1060 1075 1086 1112 1129 1146 1155 1165 1168 1171 1182 1183 1187 1193 1196 1199 1204 1206 1207 1210 1217 1220 1240 1254 1257 1258 1261 1268 1279 1281 1288 1302 1311 1314 1321 1345 1349 1352 1355 1365 1380 1383 1403 1419 1424 1425 1426 1429 1430 1437 1448 1454 1458 1470 1471 1473 1478 1489 1494 1505 1542 1545 1548 1561 1567 1570 1576 1582 1589 1612 1616 1621 1628 1637 1640 1643 1646 1648 1655 1658 1661 1674 1678 1683 1686 1705 1709 1736 1739 1743 1752 1754 1757 1762 1764 1765 1767 1768 1773</p>	<p>A C C C A G T T T G T G G T T T A G A T T T T G G T T T C G G T T G C A A T A A G C G T A C A C G C A A A A T T A T A C T T T A A A A T G T T C C C A G C A A T T A T T T T A T C C C T T T A C T G T C T C T A C T T G G T A A C A A A A A T T T G G A A C G G C A C A A A C A C A T A A T T A G G T T T A A A C C C G C A C T T G G C A T C G G G G C T T C T T T A C G T T T A A G C T T A G A A C A A A C T G A C A T T T C G C T T A T C C C C A T T G C G C C G G T T T T A A T T T C C C A G A A C T T T A T</p>
6.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain H120)</p> <p>peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.</p> <p>Accession: M21970</p> <p>Panjang Sekuen: 1611 bp</p> <p>Tahun: 1989</p>	<p>Skor: 9 Homology: 81.34 % Mutasi: 193 Nucleotide ke-: 22 26 30 42 68 79 140 146 151 152 155 158 162 179 190 194 209 210 214 215 220 229 241 243 248 253 254 256 265 275 276 285 287 304 313 323 333 337 338 340 341 345 372 383 390 395 403 407 412 421 425 443 449 461 484 487 492 493 499 502 503 521 523 529 535 536 544 550 555 556 559 565 571 573 583 597 614 636 638 646 650 651 671 674 686 699 702 710 728 743 792 794 806 817</p>	<p>Nucleotide query:</p> <p>T C T G A G G G C G T T A A T C T T A T C C T A T T A A G T C G T G T T A A C A C G T G A T C A C A G G C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A G C C T T T T G G C C C G C A T T C C A A T C C A T T G T A G A T A T T G T A C T C C C T G G A C T T T T G G T C T T C T A A T G C T C C G T A A C T T C A C C C G T G G A C C A T T T T C A T T C A C C T T C T G T T C C C A T T</p> <p>Nucleotide</p>
	Avian infectious		

	<p>bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989</p>	<p>827 837 874 881 883 887 898 920 925 935 960 968 987 989 997 998 1002 1006 1016 1022 1037 1042 1076 1085 1098 1105 1109 1123 1135 1142 1143 1144 1148 1154 1163 1166 1176 1189 1190 1193 1209 1210 1227 1231 1244 1247 1249 1254 1258 1270 1274 1277 1293 1295 1306 1317 1320 1345 1349 1350 1359 1374 1378 1379 1383 1407 1408 1417 1418 1422 1438 1441 1443 1444 1448 1471 1472 1486 1489 1496 1519 1525 1534 1537 1543 1546 1591 1609 1612 1617 1624 1627 1633 1636 1639 1647 1657 1665 1672</p>	<p>Subject: G T C C T A T T A A A A G G G A G C C G C T A C G G C G G A A A T A A G C T T T G T A G A T A A C T T A A T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A A T C C C G C T C T T G A T G C G A T C T G T T C C C A C C T G A G C G A C C G A A T G A A A G T C C A C C T A G A C T C G T G A T C A A T C G G G A G T G T A T A C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C</p>
7.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989</p>	<p>Skor: -167 Homology: 94.99 % Mutasi: 23 Nucleotide ke-: 112 188 269 281 351 353 869 918 955 956 1000 1027 1035 1094 1096 1118 1130 1140 1238 1377 1385 1583 1616</p>	<p>Nucleotide query: G G C A G G C G C C T A G T T C C C C T T C T T C</p>
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen:</p>		<p>Nucleotide Subject: A A T C C T T T A G G N C C A T T C C T C C T</p>

	1560 bp Tahun: 1992		
8.	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58067</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	<p>Skor: 9</p> <p>Homology: 97.19%</p> <p>Mutasi: 36</p> <p>Nucleotide ke-: 58 113 134 215 230 298 337 340 637 729 817 820 840 844 866 895 903 935 975 983 1015 1066 1069 1088 1090 1096 1185 1186 1199 1325 1333 1414 1417 1531 1537 1564</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>A C A T C T T C C T T C G A T C A A N C T T T C C C T C C T T C G C C C T</pre>
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58066</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>		<p>Nucleotide Subject:</p> <pre>G T G C G G A T T G G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C</pre>
9.	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58066</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	<p>Skor: 9</p> <p>Homology: 98.02%</p> <p>Mutasi: 27</p> <p>Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 227 300 339 364 366 728 818 838 839 872 892 933 971 981 1042 1183 1197 1323 1481 1508 1529 1535</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>T T C C C A A T A A G T T C C T C G T A T C C G T T T</pre>
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for</p>		<p>Nucleotide Subject:</p> <pre>C C A T T G C C G G T C A A T G A C C C C T T C G C C</pre>

	<p>spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p>		
10.	<p>Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985</p> <p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p>	<p>Skor: -15 Homology: 39.13 % Mutasi: 117 Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 270 273 284 287 288 304 308 309 318 328 336 337 355 400 522 700 766 793 816 842 923 926 934 949 1302 1385 1392 1424 1460 1525 1559 1560 1564 1609 1613 1621 1628 1705 1725 1738 1745 1767 1768 1776 1800 1808 1850 1853 1973 2030 2035 2071 2072 2116 2196 2200 2205 2224 2244 2245 2248 2293 2419 2450 2508 2554 2612 2630 2631 2679 2690 2718 2726 2738 2739 2747 2773 2814 2856 2925 2942 2944 2949 2970 2972 3074 3078 3092 3104 3105 3119 3165 3176 3177 3181 3193 3197 3214 3269 3287 3300 3360 3401 3402 3436 3440 3497 3520 3552 3589 3621</p>	<p>Nucleotide query: T T A G C G T A T T C T A T G T C T G T A A G C T T T T A C T T A C C A A T A G G G T C T A C T T A T A T A A T G C T T C T A T A A A C T C T T A A A T C T A C T T T T G T T T A T T A G C G A T T T A A G T A C T T T G G T T G G T A C</p> <p>Nucleotide Subject: C C T T A A C G A G A C G C A A A A T A G G C A A G G G T A C G G T A T C C C A A C A A G T T A G C G T A T C C C C A C A G T C G T G A A G A A C G C G T G G G G G G C A A A G G A A T A T C T G C G C C C C C A C G G A A C C C C C T G</p>

Tabel D. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 9, mismatch= -6, dan gap= 6

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	Coronavirus IBV gene for spike	Skor: -219 Homology: 84.17%	Nucleotide query: A C T T T G C A C A C T T C T G G A

	<p>protein precursor (infectious bronchitis virus).</p> <p>Accession: X02342</p> <p>Panjang Sekuen: 3645 bp</p> <p>Tahun: 1985</p>	<p>Mutasi: 360</p> <p>Nucleotide ke-: 54 63 64 74 83 89 93 98 114 115 116 118 121 125 129 141 161 169 178 188 216 237 240 251 252 278 281 292 296 300 311 312 316 317 322 331 343 345 350 355 356 358 367 377 378 387 389 406 415 418 424 431 433 437 438 440 441 445 460 482 494 502 506 515 519 523 541 547 553 559 582 585 591 595 601 602 620 622 628 634 635 643 649 654 655 658 664 670 672 682 696 713 735 737 749 750 770 773 785 798 801 809 813 816 825 840 889 891 903 914 924 934 971 978 980 995 1001 1006 1007 1015 1020 1026 1028 1029 1032 1054 1062 1081 1091 1096 1100 1110 1116 1131 1158 1170 1179 1192 1199 1203 1205 1217 1229 1234 1243 1258 1261 1264 1285 1288 1304 1305 1322 1326 1339 1342 1344 1349</p> <p>Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein.</p> <p>Accession: X04723</p> <p>Panjang Sekuen: 3557 bp</p> <p>Tahun: 1986</p>	<p>G T C A G C G T A T C A T T A T C C T A T T A A G T C G T G T A T T A A C A C G T G T C A T A G G C C T G C C T A T T A C T T T T A C C T C T A T A A A C C T T T T A G C G C C C G C A T T C C A T T A T C C A A A A T T G A A T A T A C T A C T C T C C T A T T T T G G T C T C T A A T G C T C C G T A A A C T T C A C C G C G T G G C A C C A T T T G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C T T A G T G C T C T T T T G G C T C A A A A A C C C T C C A T A T T T C G T G T C C T T G T T A G A G T T T A T A C T C G C A A A G C A T A A T G G T G T G A G C C C G A T T T T T T T T T G T C T G C C G T C A A A C C A C T A A C A G A T T C A A G T T T T T G C T T G T C A</p> <p>Nucleotide Subject: C A G C C A T T T G G T A G T C C C G A G T T T A A C G A G T T C C G C T A C G G C G G A A A T A A A G T C A T T T G T A C A A A C C A T A A T T C A T A A G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G G C T C T A T T G A T G C G A T C G C C C T T C T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C G C A C T</p>
--	--	---	---

		2006 2011 2016 2052 2113 2119 2125 2128 2134 2135 2170 2188 2195 2204 2205 2222 2223 2224 2232 2243 2247 2252 2258 2274 2283 2294 2297 2300 2325 2336 2381 2400 2402 2451 2471 2481 2501 2510 2522 2528 2570 2573 2600 2635 2639 2646 2651 2654 2663 2669 2693 2715 2718 2728 2733 2734 2736 2739 2746 2754 2757 2764 2769 2772 2785 2804 2810 2813 2819 2829 2835 2856 2883 2886 2889 2901 2904 2920 2940 2949 2958 2977 2979 2982 2985 2991 3000 3006 3009 3034 3049 3067 3076 3079 3122 3144 3161 3178 3226 3251 3259 3308 3319 3337 3342 3367 3379 3408 3409 3421 3424 3436 3464 3468 3478 3487 3497 3505 3509 3511 3523 3529 3532 3559 3562 3566 3574 3595 3604 3607 3616 3626	T A G A C T C C G T G A T C A A T C C G C G G A G T G T A A T A C A A T T T G T A G C A T G T T G C G C A C T T T T C C G G A T C C T T G T C C A G T T A C T T C A T G T C C G G A T T C T C C T G G T T T C T T G C G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C T T C T T T T G G T A T A T T A A A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C T C A A A A G T G G G T T G T C C C T G A T A C T C C A A C C C T T C G T C T T
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 9 Homology: 86.31 % Mutasi: 361 Nucleotide ke:- 16 25 26 36 45 51 55 60 76 77 78 80 83 87 91 103 106 125 129 140 150 171 178 181 198 201 212 213 219 223 240 251 255 267 270 271 275 281 290 302 304 309 314 315 317 326 336 337 346 348 365 374 377 383 393 397 398 400 401 405 420 442 449 454 462 463 466 468 475 477 484 502 508	Nucleotide query: C A G C C A T T G G T A G T C C C C T A G C T G T T A A A G G A G C C C G T A C G G C G G A A A T A A G T C T T T G T A C A T A A T C C A A A A T T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T C G A T T G C G A T C G C C C T T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C A A A G C A C T T A G A A A C T C G T G A T C A A T C G G A G T

		514 520 543 546 551 552 558 561 562 580 582 588 594 595 603 609 614 615 618 624 630 632 642 656 673 695 697 709 710 730 733 745 758 761 769 773 776 785 800 829 849 851 863 874 884 894 931 938 940 955 961 966 967 975 980 990 993 1015 1023 1042 1052 1057 1061 1071 1077 1092 1119 1131 1140 1153 1160 1164 1166 1178 1191 1194 1197 1198 1199 1203 1218 1221 1224 1245 1248 1264 1265 1281 1282 1286 1299 1302 1304 1309 1313 1325 1329 1332 1348 1350 1361 1374 1401 1405 1406 1415 1430 1434 1435 1439 1463 1464 1473 1474 1478 1489 1494 1497 1499 1500 1504 1528 1542 1568 1578 1590 1593 1599 1602 1647 1665 1668 1673 1680 1689 1692 1703 1713 1721 1728 1739 1740 1747 1755 1766 1773 1804 1822 1833 1846 1857 1879 1896 1899 1902 1947 1950 1962 1972 1977 1984 1986 2041 2074 2080 2086 2089 2095 2096 2114 2131 2149 2156 2165 2177 2182 2183 2203 2207 2212 2218 2257 2260 2281 2296 2338 2362 2411 2431 2441 2461 2470 2482 2488 2530 2533 2535 2560 2606 2611 2614 2623 2629 2653 2675 2678 2693 2694 2696 2699 2706 2714 2717 2724 2729 2732 2745 2764 2770 2773 2779 2796 2817 2844	G T A T A C A A T T T G T A G C A A T G T T G C G C A C T T T C C G G A T C C T G T C A G A C T C T C T G A G G C C G G A T G T C T C G T G T T C T G G C A T C T C T T C C T C C A G T C C C G C T T T T T T G G T A T A T T T A A A T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C G T C A T A A G T G G T G T T G T C C C C T G A T A C T C C A A C T C C C T T C G T C T T G
	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Nucleotide Subject: A C T T T G C A C A C T T C T G T T A G T T C A C G C G T A A T C T T T A C C T A T T A A G T C G T G T A T A C A C A C G T G A T C G A A T T G G C C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C C A T A A A C C T T T T A G C G C C T C G C A T T C C C A T T A T C C C A A T T G A A T A T T T C T A C T C C T C T A T G G A T T T T G G T C T T T C T C T A A T G C T C C G G G A C T T C A C C C C G T G G C A C C A T T T C G C A C C T T T T G T C C A T T A A G C G T G C G T T A T T A T G T C T G T A T T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T C T G T C C T T G T T G A G T T T A T A C C G C C A A A G C A T A A T G G G T G A G C C C	

		2847 2850 2862 2865 2881 2901 2910 2919 2938 2940 2943 2946 2952 2961 2967 2970 2995 3010 3025 3028 3037 3040 3079 3083 3105 3139 3187 3212 3220 3241 3269 3280 3298 3303 3328 3340 3353 3369 3370 3382 3385 3397 3425 3429 3439 3448 3458 3466 3470 3472 3484 3487 3490 3493 3520 3523 3527 3535 3556 3565 3568 3577 3587 3591	G A T T T T T T T T T T T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G A T T C A A G T T A T T T G C T T G T C A T
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Skor: 3 Homology: 80.51 % Mutasi: 140 Nucleotide ke-: 12 18 26 30 32 34 36 50 63 77 96 101 144 150 156 163 169 172 181 188 189 193 196 199 202 211 232 237 269 275 287 318 324 331 333 346 347 360 365 372 416 427 437 450 599 616 636 638 643 652 671 726 747 781 793 815 936 1033 1092	Nucleotide query: A A T A T A T T A T T T T C A C A A T T T C G T T A T A A C G C C T T C A C C A G T A A A A T A G A G T G T T T T T T T C T G A T A T C A T C G T A G G A C C A A T T A T T T T A A T T C A G A G A A T G C T C T A T T A T G T G G T T T A A C A T T T T G C C C T A G G A G G A A C A
	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	1118 1201 1202 1210 1339 1346 1347 1403 1421 1439 1440 1451 1458 1525 1529 1542 1587 1593 1596 1600 1652 1659 1723 1780 1872 1897 1901 1918 1965 1991 1994 2024 2058 2141 2171 2177 2244 2260 2268 2299 2376 2377 2383 2386 2468 2562 2598 2603 2604 2669 2713 2763 2780 2796 2939 3010 3016 3092 3105 3118 3128 3129 3257 3346 3360 3366 3372 3373 3374 3388 3391 3478 3480 3491 3493 3521 3533 3536 3545 3552 3558	Nucleotide Subject: T G G C G C G C T G A A A T G G G G C A A T T A C T G C C A C T A A A T T A G G C C T C G G C T A G C A A A G C G C C G A A C G G G G G C C T A G G T A G G G C T C C G G G A C C G C C A T T T A C G A A G G G C G G C G A T C C A G C G C C G G C G C A A A T G C G T A C C A C G G T

4.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.</p> <p>Accession: M21971</p> <p>Panjang Sekuen: 1605 bp</p> <p>Tahun: 1989</p>	<p>Skor: 9 Homology: 96.33% Mutasi: 51 Nucleotide ke-: 5 21 24 39 47 103 146 147 148 160 170 174 177 244 253 299 306 320 336 338 346 399 400 428 435 442 506 553 668 674 739 741 754 774 819 832 889 912 1083 1091 1101 1317 1345 1365 1372 1431 1438 1442 1459 1594 1604</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre> G C T T A G A C C C A G T A C C T T A C C G A T A T C G G G T C A G T G G C A G A C A A C A G C A T A </pre>
	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.</p> <p>Accession: M21968</p> <p>Panjang Sekuen: 1605 bp</p> <p>Tahun: 1989</p>		<p>Nucleotide subject:</p> <pre> T T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C A A A T G T C A T T G A G T G T G G T T G C C </pre>
5.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.</p> <p>Accession: M21968</p> <p>Panjang Sekuen: 1605 bp</p> <p>Tahun: 1989</p>	<p>Skor: 9 Homology: 86.97 % Mutasi: 284 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 40 59 60 69 80 81 86 87 88 94 100 107 110 116 120 125 132 133 140 143 146 164 169 174 177 184 188 190 195 197 212 217 218 221 222 224 227 233 237 238 245 246 247 248 250 256 262 263 265 266 273 275 278 279 283 305 310 314 319 336 343 352 355 376 389 398 401 410 415 425 427 430 443 444 446</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre> C G T T G C A A T A A A C A T G G T G A C A A T A C G A A G C T A G G G C A A A A C T C A A G A G G T T T T T A A C C T G C A T C T A C T A A A A G T T G T T C G T C C G C C G G A G A G C C G C A C G T G T T T G G G G G T G C A A A T A G G C T T T A A A C T G T T A G A A A G T A A A T G A C A A G T G T T T T C A A C A A G G T A T T T T G G T G T T T A T G G C T C C C A G C G T T G </pre>

		<p>449 450 453 473 474 475 483 495 501 506 507 517 535 536 545 554 567 568 570 576 579 581 582 591 592 596 599 606 609 611 614 624 625 630 636 637 642 646 650 654 672 679 680 681 686 695 701 707 708 709 710 713 716 733 742 749 759 771 774 781 783 789 792 798 811 814 816 829 836 841 850 851 853 862 866 890 899 908 917 928 929 931 935 938 943 949 962 965 968 972 973 974 976 981 985 994 997 998 999 1018 1019 1022 1026 1027 1030 1034 1043 1058 1069 1095 1112 1129 1138 1148 1151 1154 1165 1166 1170 1176 1179 1182 1187 1189 1190 1193 1200 1203 1223 1237 1240 1241 1244 1251 1262 1264 1271 1285 1294 1297 1304 1328 1332 1335 1338 1348 1363 1366 1386 1402 1407 1408 1409 1412 1413 1420 1431 1437 1441 1453 1454 1456 1461 1472 1477 1488 1525 1528 1531 1544 1550 1553 1559 1565 1572 1595 1599 1604 1611 1620 1623 1626 1629 1631 1638 1641 1644 1657 1661 1666 1669 1688 1692 1719 1722 1726 1735 1737 1740 1745 1747 1748 1750 1751 1756</p>	<p>A A T T A A T C T G A G A C A A G C C T A A A G A T A A C G T A T A C T A T T G T G G A G A T T T C G C G T A G C G C T T T T T G C A T T A T A A A G A A T C C A C T T T C A C C G C A C G A</p>
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene	<p>Skor: 9 Homology: 81.43 % Mutasi: 197 Nucleotide ke:- 12 13 14 16 19 23 27 39 65 76 137</p>	<p>Nucleotide query: C A C T T C T G A G G G C G T T A A T C T T A T C C T A T T A A G T C G T G T T A A C A C G T G A T C A C A</p>

	<p>encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989</p> <p>Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989</p>	<p>143 148 149 152 155 159 176 187 191 206 207 211 212 217 226 238 240 245 250 251 253 262 272 273 282 284 301 310 320 330 334 335 337 338 342 369 380 387 392 400 404 409 418 422 440 446 458 481 484 489 490 496 499 500 518 520 526 532 533 541 547 552 553 556 562 568 570 580 594 611 633 635 643 647 648 668 671 683 696 699 707 725 740 789 791 803 814 824 834 871 878 880 884 895 917 922 932 957 965 984 986 994 995 999 1003 1013 1019 1034 1039 1073 1082 1095 1102 1106 1120 1132 1139 1140 1141 1145 1151 1160 1163 1173 1186 1187 1190 1206 1207 1224 1228 1241 1244 1246 1251 1255 1267 1271 1274 1290 1292 1303 1314 1317 1342 1346 1347 1356 1371 1375 1376 1380 1404 1405 1414 1415 1419 1435 1438 1440 1441 1445 1468 1469 1483 1486 1493 1516 1522 1531 1534 1540 1543 1588 1606 1609 1614 1621 1624 1630 1633 1636 1644 1654 1662 1669</p>	<p>G G C T G C C C T A A T T A C T T T T A C C T C C C A T A A A G C C T T T T G G C C C G C A T T C C A A T C C C A T T G T A G A T A T T G T A C T C C C T G G A C T T T T G G T C T T C T A A T G C T C C G T A A C T T C A C C C G T G G A C C A T T T T C A T T C A C C T T C T G T T C C C A T T</p> <p>Nucleotide Subject: G G T A G T C C T A T T A A A A G G A G C C G C T A C G G C G G A A A T T A A G C T T T G T A G A T A A C T T A A T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A A T C C G C T C T T G A T G C G A T C T G T T C C C A C C T G A G C G A C C G A A T G A A A G T C C A C C T A G A C T C G T G A T C A A T C G G G A G T G T A T A C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C</p>
7.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession:</p>	<p>Skor: -255 Homology: 94.99% Mutasi: 23 Nucleotide ke-: 112 188 269 281 351 353 869 918 955 956 1000 1027 1035 1094 1096 1118 1130 1140 1238 1377 1385 1583 1616</p>	<p>Nucleotide query: G G C A G G C G C C T A G T T C C C T T C T T C</p>

	M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989		
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: A A T C C T T T A G G N C C A T T C C T C C T
8.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Skor: 9 Homology: 97.19 % Mutasi: 36 Nucleotide ke-: 58 113 134 215 230 298 337 340 637 729 817 820 840 844 866 895 903 935 975 983 1015 1066 1069 1088 1090 1096 1185 1186 1199 1325 1333 1414 1417 1531 1537 1564	Nucleotide query: A C A T C T T C C T T C G A T C A A N C T T C C C T C C T T C G C C C T
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: G T G C G G A T T G G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C
9.	Avian infectious bronchitus virus (IBV)	Skor: 9 Homology: 98.02 % Mutasi: 27	Nucleotide query: T T C C C A A T A A G T T C C T C G T A T C C G T T T

	(UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 227 300 339 364 366 728 818 838 839 872 892 933 971 981 1042 1183 1197 1323 1481 1508 1529 1535	
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: C C A T T G C C G G T C A A T G A C C C C T T C G C C
10.	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -27 Homology: 39.13% Mutasi: 117 Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 270 273 284 287 288 304 308 309 318 328 336 337 355 400 522 700 766 793 816 842 923 926 934 949 1302 1385 1392 1424 1460 1525 1559 1560 1564 1609 1613 1621 1628 1705 1725 1738 1745 1767 1768 1776 1800 1808 1850 1853 1973 2030 2035 2071 2072 2116 2196 2200 2205 2224 2244 2245 2248 2293 2419 2450 2508 2554 2612 2630 2631	Nucleotide query: T T A G C G T A T T C T A T G T C T G T A A G C T T T T A C T T A C C A A T A G G G T C T A C T T A T A T A A T G C T T C T A T A A A C T C T T A A A T C T A C T T T T G T T T A T T A G C G A T T T A A G T A C T T T G G T T G G T A C
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp		Nucleotide Subject: C C T T A A C G A G A C G C A A A A T A G G C A A G G G T A C G G T A T C C C A A C A A G T T A G C G T A T C C C A A C A G T C G T G A A G A A C G C G T G G G G G G C A A A G G A A T A T C T G C G C C C C C A C G G A A C C C

	Tahun: 1992	2679 2690 2718 2726 2738 2739 2747 2773 2814 2856 2925 2942 2944 2949 2970 2972 3074 3078 3092 3104 3105 3119 3165 3176 3177 3181 3193 3197 3214 3269 3287 3300 3360 3401 3402 3436 3440 3497 3520 3552 3589 3621	C C T G
--	-------------	---	---------

Tabel E. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 10, mismatch= -6, dan gap= 6

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -218 Homology: 84.17% Mutasi: 360 Nucleotide ke-: 54 63 64 74 83 89 93 98 114 115 116 118 121 125 129 141 161 169 178 188 216 237 240 251 252 278 281 292 296 300 311 312 316 317 322 331 343 345 350 355 356 358 367 377 378 387 389 406 415 418 424 431 433 437 438 440 441 445 460 482 494 502 506 515 519 523 541 547 553 559 582 585 591 595 601 602 620 622 628 634 635 643 649 654 655 658 664 670 672 682 696 713 735 737 749 750 770 773 785 798 801 809 813 816 825 840 889 891 903 914 924 934 971	Nucleotide query: A C T T T G C A C A C T T C T G G A G T C A G C G T A T C A T T A T C C T A T T A A G T C G T G T A T T A A C A C G T G T C A T A G G C C T G C C T A T T A C T T T T A C C T C T A T A A A C C T T T T A G C G C C C G C A T T C C A T T A T C C A A A A T T G A A T A T A C T A C T C T C C T A T T T G G T C T T C T A A T G C T C C G T A A A C T T C A C C G C G T G G C A C C A T T T G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C T T A G T G C T C T T T T G G C T C A A A A A C C C T C C A T A T T T C G T

		978 980 995 1001 1006 1007 1015 1020 1026 1028 1029 1032 1054 1062 1081 1091 1096 1100 1110 1116 1131 1158 1170 1179 1192 1199 1203 1205 1217 1229 1234 1243 1258 1261 1264 1285 1288 1304 1305 1322 1326 1339 1342 1344 1349 1353 1365 1369 1372 1388 1390 1401 1412 1415 1416 1440 1444 1445 1454 1469 1473 1474 1478 1499 1502 1503 1512 1513 1517 1528 1533 1536 1538 1539 1543 1567 1581 1617 1629 1632 1638 1641 1686 1704 1707 1712 1719 1728 1731 1734 1742 1752 1760 1767 1778 1779 1786 1794 1805 1812 1836 1843 1861 1872 1885 1888 1896 1918 1926 1929 1935 1938 1941 1989 2001 2006 2011 2016 2052 2113 2119 2125 2128 2134 2135 2170 2188 2195 2204 2205 2222 2223 2224 2232 2243 2247 2252 2258 2274 2283 2294 2297 2300 2325 2336 2381 2400 2402 2451 2471 2481 2501 2510 2522 2528 2570 2573 2600 2635 2639 2646 2651 2654 2663 2669 2693 2715 2718 2728 2733 2734 2736 2739 2746 2754 2757 2764 2769 2772 2785 2804 2810 2813 2819 2829 2835 2856 2883 2886 2889 2901 2904 2920 2940 2949 2958 2977 2979 2982 2985 2991 3000 3006 3009 3034 3049 3067 3076 3079 3122 3144 3161 3178 3226 3251	Nucleotide Subject: C A G C C A T T G G T A G T C C C G A G T T T A A C G A G T C C G C T A C G G C G G A A A T A A G T C A T T T G T A C A A A C A T A A T T C A T A A G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T G A T G C G A T C G C C C T T C T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C G C A C T T A G A C T C G T G A T C A A T C G C G G A G T G T A A T A C A A T T T G T A G C A T G T T G C G C A C T T T T C C G G A T C C T T G T C C A G T T A C T T C A T G T C C G G A T T C T C C T G G T T T C T T G C G G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C T T C T T T T G G T A T A T T A A A C T C A T A T A A A T C C A A C G G C G G C C T C A A A A G T G G G T T G T C C C T G A T A C T C C A A C C C C T T C G T C T T
--	--	---	--

		3259 3308 3319 3337 3342 3367 3379 3408 3409 3421 3424 3436 3464 3468 3478 3487 3497 3505 3509 3511 3523 3529 3532 3559 3562 3566 3574 3595 3604 3607 3616 3626	
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 10 Homology: 86.31 % Mutasi: 361 Nucleotide ke-: 16 25 26 36 45 51 55 60 76 77 78 80 83 87 91 103 106 125 129 140 150 171 178 181 198 201 212 213 219 223 240 251 255 267 270 271 275 281 290 302 304 309 314 315 317 326 336 337 346 348 365 374 377 383 393 397 398 400 401 405 420 442 449 454 462 463 466 468 475 477 484 502 508 514 520 543 546 551 552 558 561 562 580 582 588 594 595 603 609 614 615 618 624 630 632 642 656 673 695 697 709 710 730 733 745 758 761 769 773 776 785 800 829 849 851 863 874 884 894 931 938 940 955 961 966 967 975 980 990 993 1015 1023 1042 1052 1057 1061 1071 1077 1092 1119 1131 1140 1153 1160 1164 1166 1178 1191 1194 1197 1198 1199 1203 1218 1221 1224 1245 1248 1264 1265 1281 1282 1286 1299 1302 1304 1309 1313 1325 1329 1332 1348 1350 1361 1374 1401 1405 1406 1415 1430 1434 1435 1439 1463 1464 1473 1474	Nucleotide query: C A G C C A T T G G T A G T C C C C T A G C T G T T A A A G G A G C C C G T A C G G C G G A A A T A A G T C T T T G T A C A T A A T C C A A A A T T C A T G A G G C A G T C C C C T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T C G A T T G C G A T C G C C C T T C G C C A C C G A G C G T C C G A A C T G C A A A G C A C T T A G A A C T C G T G A T C A A T C G G A G T G T A T A C A A T T T G T A G C C A A T G T T G C G C A C T T T C C G G A T C C T G T C A G A C T C T C T G A G G C C G G A T T G T C T C G T G T T C T G G C A T C C C T T C C T C C A G T C C C G C T T T T T T G G T A T A T T A A A T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C G T C A T A A G T G G T G T T G T C C C C T G A T A C T C C A A C T C C C T T C G T C T T G Nucleotide Subject: A C T T T G C A C A C T T C T G T T A G T T C
	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor		

	protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	1478 1489 1494 1497 1499 1500 1504 1528 1542 1568 1578 1590 1593 1599 1602 1647 1665 1668 1673 1680 1689 1692 1703 1713 1721 1728 1739 1740 1747 1755 1766 1773 1804 1822 1833 1846 1857 1879 1896 1899 1902 1947 1950 1962 1972 1977 1984 1986 2041 2074 2080 2086 2089 2095 2096 2114 2131 2149 2156 2165 2177 2182 2183 2203 2207 2212 2218 2257 2260 2281 2296 2338 2362 2411 2431 2441 2461 2470 2482 2488 2530 2533 2535 2560 2606 2611 2614 2623 2629 2653 2675 2678 2693 2694 2696 2699 2706 2714 2717 2724 2729 2732 2745 2764 2770 2773 2779 2796 2817 2844 2847 2850 2862 2865 2881 2901 2910 2919 2938 2940 2943 2946 2952 2961 2967 2970 2995 3010 3025 3028 3037 3040 3079 3083 3105 3139 3187 3212 3220 3241 3269 3280 3298 3303 3328 3340 3353 3369 3370 3382 3385 3397 3425 3429 3439 3448 3458 3466 3470 3472 3484 3487 3490 3493 3520 3523 3527 3535 3556 3565 3568 3577 3587 3591	A C G C G T A A T C T T T A C C T A T T A A G T C G T G T A T A A C A C G T G A T C G A A T T G G C C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A C C T T T T A G C G C C T C G C A T T C C A T T A T C C A A T T G A A T A T T T C T A C T C T C T A T G G A T T T G G T C T T T C T A A T G C T C C G G A C T T C A C C C G T G G C A C C A T T T C G C A C C T T T T G T C C A T T A A G C G T T G C G T T A T T A T G T C T G T A T T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T C T G T C C T T G T T G A G T T T A T A C C G C A A A G C A T A A T G G G T G A G C C C G A T T T T T T T T T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G A T T C A A G T T A T T T G C T T G T C A T
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen:	Skor: 4 Homology: 80.51 % Mutasi: 140 Nucleotide ke-: 12 18 26 30 32 34 36 50 63 77 96 101 144 150 156 163 169 172 181 188 189 193 196	Nucleotide query: A A T A T A T T A T T T T C A C A A T T T C G T T A T A A C G C C T T C A C C A G T A A A A T A G A G T G T T T T T T T C T G A T A T C A T C G T A G G A C C A A

	3554 bp Tahun: 1986	199 202 211 232 237 269 275 287 318 324 331 333 346 347 360 365 372 416 427 437 450 599 616 636 638 643 652 671 726 747 781 793 815 936 1033 1092 1118 1201 1202 1210 1339 1346 1347 1403 1421 1439 1440 1451 1458 1525 1529 1542 1587 1593 1596 1600 1652 1659 1723 1780 1872 1897 1901 1918 1965 1991 1994 2024 2058 2141 2171 2177 2244 2260 2268 2299 2376 2377 2383 2386 2468 2562 2598 2603 2604 2669 2713 2763 2780 2796 2939 3010 3016 3092 3105 3118 3128 3129 3257 3346 3360 3366 3372 3373 3374 3388 3391 3478 3480 3491 3493 3521 3533 3536 3545 3552 3558	T T A T T T T A A T T C A G A G A A T G C T C T A T T A T G T G G T T T A A C A T T T T G C C C T A G G A G G A A C A
	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: T G G C G C G C T G A A A T G G G G C A A T T A C T G C C A C T A A A T T A G G C C T C G G C T A G C A A A G C G C C G A A C G G G G G C C T A G G T A G G G C T C C G G G A C C G C C A T T T A C G A A G G G C G G C G A T T C C A G C G C C G G C G C A A A T G C G T A C C A C G G T	
4.	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Skor: 10 Homology: 96.33% Mutasi: 51 Nucleotide ke-: 5 21 24 39 47 103 146 147 148 160 170 174 177 244 253 299 306 320 336 338 346 399 400 428 435 442 506 553 668 674 739 741 754 774 819 832 889 912 1083 1091 1101 1317 1345 1365 1372 1431 1438 1442 1459 1594 1604	Nucleotide query: G C T T A G A C C C A G T A C C T T A C C G A T A T C G G G T C A G T G G C A G A C A A C A G C A T A A
	Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits,	Nucleotide Subject: T T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C A A A T G T C A T T G A G T G T G G T T G C C	

	complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989		
5.	Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	<p>Skor: 10 Homology: 86.97 % Mutasi: 284 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 40 59 60 69 80 81 86 87 88 94 100 107 110 116 120 125 132 133 140 143 146 164 169 174 177 184 188 190 195 197 212 217 218 221 222 224 227 233 237 238 245 246 247 248 250 256 262 263 265 266 273 275 278 279 283 305 310 314 319 336 343 352 355 376 389 398 401 410 415 425 427 430 443 444 446 449 450 453 473 474 475 483 495 501 506 507 517 535 536 545 554 567 568 570 576 579 581 582 591 592 596 599 606 609 611 614 624 625 630 636 637 642 646 650 654 672 679 680 681 686 695 701 707 708 709 710 713 716 733 742 749 759 771 774 781 783 789 792 798 811 814 816 829 836 841 850 851 853 862 866 890 899 908 917 928 929 931 935 938 943 949 962 965 968 972 973 974 976 981 985 994 997 998 999 1018 1019 1022 1026 1027 1030 1034 1043 1058 1069 1095 1112 1129 1138 1148 1151 1154 1165 1166 1170 1176 1179</p>	<p>Nucleotide query:</p> <p>C G T G C A A T A A A C A T G G T G A C A A T A C G A A G C T A G G G C A A A A C T C A A G A G G T T T T T A A C C T G C A T C T A C T A A A A G T T G T T C G T C C G C C G G A G A G C C G C A C G T G T T T G G G G G T G C A A A T A G G C T T T A A C T G T T A G A A G T A A A T G A C A A G T G T T T T C A A C A A G G T A T T T T G G T G T T T A T G G C T C C C A G C G T T G A A T T A A T C T G A G A C A A G C C T A A A G A T A A C G T A T A C T A T T G T G G A G A T T T C G C G T A G C G C T T T T T G C A T T A T A A A G A A T C C A C T T T C A C C G C A C G A</p>
	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp		<p>Nucleotide Subject: A C C T G T T C T C G T G C A C C A G T T T G T G T G T A G G C T A T T T T C T T G T G C T T C T G A C G C C T G G G T T G C A A T A A G C G T A C A C G C A A A A T T A T A C T T T A A A A T G T T C C C A G C A A T T A T T G</p>

	Tahun: 1989	1182 1187 1189 1190 1193 1200 1203 1223 1237 1240 1241 1244 1251 1262 1264 1271 1285 1294 1297 1304 1328 1332 1335 1338 1348 1363 1366 1386 1402 1407 1408 1409 1412 1413 1420 1431 1437 1441 1453 1454 1456 1461 1472 1477 1488 1525 1528 1531 1544 1550 1553 1559 1565 1572 1595 1599 1604 1611 1620 1623 1626 1629 1631 1638 1641 1644 1657 1661 1666 1669 1688 1692 1719 1722 1726 1735 1737 1740 1745 1747 1748 1750 1751 1756	G G C T T A T C C C T T T A C A A T T T G T C T C T A C T T G G T A A C A A A A T T T T G G A A C G G C A C A A A C A C A T A A T T A G G T T T A A A C C G C A C T T G G C A T T C G G G G C T T C T T T A C G T T T A A G C T T A G A A C A A A C T G A C A T T T C G C T T A T C C C C A T T G C G C C G G T T T T A A T T T C C C A G A A C T T T A T
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	Skor: 10 Homology: 81.43 % Mutasi: 197 Nucleotide ke-: 12 13 14 16 19 23 27 39 65 76 137 143 148 149 152 155 159 176 187 191 206 207 211 212 217 226 238 240 245 250 251 253 262 272 273 282 284 301 310 320 330 334 335 337 338 342 369 380 387 392 400 404 409 418 422 440 446 458 481 484 489 490 496 499 500 518 520 526 532 533 541 547 552 553 556 562 568 570 580 594 611 633 635 643 647 648 668 671 683 696 699 707 725 740 789 791 803 814 824 834 871 878 880 884 895 917 922 932 957 965 984 986 994 995 999 1003 1013 1019 1034 1039 1073 1082 1095 1102 1106 1120 1132 1139 1140 1141 1145 1151 1160	Nucleotide query: C A C T T C T G A G G G C G T T A A T C T T A T C C T A T T A A G T C G T G T T A A C A C G T G A T C A C A G G C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C C A T A A A G C C T T T T G G C C C G C A T T C C A A T C C A T T G T A G A T A T T G T A C T T C C C T G G A C T T T T G G T C T T C C T A A T G C T C C G T A A C T T C A C C C G T G G A C C A T T T T C A T T C A C C T T C T G T T C C C A T T
	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.	Nucleotide Subject: G G T A G T C C T A T T A A A A G G A G C C G C T A C G G C G G A A A T A A G C T T T G T A G A T A A C T T A A T C A T G A G G C A G T C C C C T T C C T	

	Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	1163 1173 1186 1187 1190 1206 1207 1224 1228 1241 1244 1246 1251 1255 1267 1271 1274 1290 1292 1303 1314 1317 1342 1346 1347 1356 1371 1375 1376 1380 1404 1405 1414 1415 1419 1435 1438 1440 1441 1445 1468 1469 1483 1486 1493 1516 1522 1531 1534 1540 1543 1588 1606 1609 1614 1621 1624 1630 1633 1636 1644 1654 1662 1669	A G C C C G A A T C C G C T C T T G A T G C G A T C T G T T C C C A C C T G A G C G A C C G A A T G A A A G T C C A C C T A G A C T C G T G A T C A A T C G G G A G T G T A T A C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C
7.	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	Skor: -254 Homology: 94.99% Mutasi: 23 Nucleotide ke-: 112 188 269 281 351 353 869 918 955 956 1000 1027 1035 1094 1096 1118 1130 1140 1238 1377 1385 1583 1616	Nucleotide query: G G C A G C G C C T A G T T C C C T T C T T C
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: A A T C C T T T A G G N C C A T T C C T C C T
8.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for	Skor: 10 Homology: 97.19 % Mutasi: 36 Nucleotide ke-: 58 113 134	Nucleotide query: A C A T C T T C C T T C G A T C A A N C T T C C C T C C T T C G C C C T

	<p>spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p> <p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p>	<p>215 230 298 337 340 637 729 817 820 840 844 866 895 903 935 975 983 1015 1066 1069 1088 1090 1096 1185 1186 1199 1325 1333 1414 1417 1531 1537 1564</p>	
			<p>Nucleotide Subject: G T G C G G A T T G G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C</p>
9.	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p> <p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p>	<p>Skor: 10 Homology: 98.02 % Mutasi: 27 Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 227 300 339 364 366 728 818 838 839 872 892 933 971 981 1042 1183 1197 1323 1481 1508 1529 1535</p>	<p>Nucleotide query: T T C C C A A T A A G T T C C T C G T A T C C G T T T</p> <p>Nucleotide Subject: C C A T T G C C G G T C A A T G A C C C C T T C G C C</p>

10.	<p>Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342</p> <p>Accession: X02342</p> <p>Panjang Sekuen: 3645 bp</p> <p>Tahun: 1985</p> <p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84)</p> <p>spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58065</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	<p>Skor: -26</p> <p>Homology: 39.13%</p> <p>Mutasi: 117</p> <p>Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 270 273 284 287 288 304 308 309 318 328 336 337 355 400 522 700 766 793 816 842 923 926 934 949 1302 1385 1392 1424 1460 1525 1559 1560 1564 1609 1613 1621 1628 1705 1725 1738 1745 1767 1768 1776 1800 1808 1850 1853 1973 2030 2035 2071 2072 2116 2196 2200 2205 2224 2244 2245 2248 2293 2419 2450 2508 2554 2612 2630 2631 2679 2690 2718 2726 2738 2739 2747 2773 2814 2856 2925 2942 2944 2949 2970 2972 3074 3078 3092 3104 3105 3119 3165 3176 3177 3181 3193 3197 3214 3269 3287 3300 3360 3401 3402 3436 3440 3497 3520 3552 3589 3621</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>T T A G C G T A T T C T A T G T C T G T A A G C T T T T A C T T A C C A A T A G G G T C T A C T T A T A T A A T G C T T C T A T A A A C T C T T A A A T C T A C T T T G T T T A T T A G C G A T T T A A G T A C T T T G G T T G G T A C</pre> <p>Nucleotide Subject:</p> <pre>C C T T A A C G A G A C G C A A A A T A G G C A A G G G T A C G G T A T C C C A A C A A G T T A G C G T A T C C C A A C A G T C G T G A A G A A C G C G T G G G G G G C A A A G G A A T A T C T G C G C C C C C A C G G A A C C C C C T G</pre>
-----	---	---	---

Tabel F. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 14, mismatch= -8, dan gap= 8

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	<p>Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). Accession: X02342</p> <p>Panjang Sekuen: 3645 bp</p>	<p>Skor: -290</p> <p>Homology: 84.17%</p> <p>Mutasi: 360</p> <p>Nucleotide ke-: 54 63 64 74 83 89 93 98 114 115 116 118 121 125 129 141 161 169 178 188 216 237 240 251 252 278 281 292 296 300 311 312 316 317 322</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>A C T T T G C A C A C T T C T G G A G T C A G C G T A T C A T T A T C C T A T T A A G T C G T G T A T T A A C A C G T G T C A T A G G C C T G C C T A T T A C T T T T A C C T C T A T A A A C C T T T</pre>

	Tahun: 1985	T A G C G C C C G C A T T C C A T T T A T C C A A A A T T G A A T A T A C T A C T C T C C T A T T G G T C T T C T A A T G C T C C G T A A A C T T C A C C G C G T G G C A C C A T T T G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C T T A G T G C T C T T T T G G C T C A A A A A C C C T C C A T A T T T C G T G T C C T T G T T A G A G T T T A T A C T C G C A A A G C A T A A T G G T G T G A G C C C G A T T T T T T T T G T C T G C C G T C A A A C C A C T A A C A G A T T C A A G T T T T T G C T T G T C A
	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Nucleotide Subject: C A G C C A T T G G T A G T C C C G A G T T T A A C G A G T C C G C T A C G G C G G A A A T A A G T C A T T T G T A C A A A C A T A A T T C A T A A G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T G A T G C G A T T C G C C C T T C T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C G C A C T T A G A C T C G T G A T C A A T C G C G G A G T G T A A T A C

		2481 2501 2510 2522 2528 2570 2573 2600 2635 2639 2646 2651 2654 2663 2669 2693 2715 2718 2728 2733 2734 2736 2739 2746 2754 2757 2764 2769 2772 2785 2804 2810 2813 2819 2829 2835 2856 2883 2886 2889 2901 2904 2920 2940 2949 2958 2977 2979 2982 2985 2991 3000 3006 3009 3034 3049 3067 3076 3079 3122 3144 3161 3178 3226 3251 3259 3308 3319 3337 3342 3367 3379 3408 3409 3421 3424 3436 3464 3468 3478 3487 3497 3505 3509 3511 3523 3529 3532 3559 3562 3566 3574 3595 3604 3607 3616 3626	A A T T T G T A G C A T G T T G C G C A C T T T T C C G G A T C C T T G T C C A G T T A C T T C A T G T C C G G A T T C T C C T G G T T T C T T G C G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C T T C T T T T G G T A T A T T A A A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C T C A A A A A G T G G G T T G T C C C T G A T A C T C C A A C C C C T T C G T C T T
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 14 Homology: 86.31 % Mutasi: 361 Nucleotide ke-: 16 25 26 36 45 51 55 60 76 77 78 80 83 87 91 103 106 125 129 140 150 171 178 181 198 201 212 213 219 223 240 251 255 267 270 271 275 281 290 302 304 309 314 315 317 326 336 337 346 348 365 374 377 383 393 397 398 400 401 405 420 442 449 454 462 463 466 468 475 477 484 502 508 514 520 543 546 551 552 558 561 562 580 582 588 594 595 603 609 614 615 618 624 630 632 642 656 673 695 697 709 710 730 733 745 758 761 769 773 776 785 800 829 849 851	Nucleotide query: C A G C C A T T T G G T A G T C C C C T A G C T G T T A A A G G A G C C C G T A C G G C G G A A A T A A G T C T T T G T A C A T A A T C C A A A A T T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G C C C G A T C C G C T C T A T T C G A T G C G A T C G C C C T T C G C C A C G A G C G T C C G A A C T G C A A A G C A C T T A G A A A C T C G T G A T C A A T C G G A G T G T A T A C A A A T T T G T A G C A A A T G T T T G C G C A C T T T C C G G A T C C T G T C A G A C T C T C T G A G G C C G G A T G T C T C G T G T T C T G G C A T C T

		<p>863 874 884 894 931 938 940 955 961 966 967 975 980 990 993 1015 1023 1042 1052 1057 1061 1071 1077 1092 1119 1131 1140 1153 1160 1164 1166 1178 1191 1194 1197 1198 1199 1203 1218 1221 1224 1245 1248 1264 1265 1281 1282 1286 1299 1302 1304 1309 1313 1325 1329 1332 1348 1350 1361 1374 1401 1405 1406 1415 1430 1434 1435 1439 1463 1464 1473 1474 1478 1489 1494 1497 1499 1500 1504 1528 1542 1568 1578 1590 1593 1599 1602 1647 1665 1668 1673 1680 1689 1692 1703 1713 1721 1728 1739 1740 1747 1755 1766 1773 1804 1822 1833 1846 1857 1879 1896 1899 1902 1947 1950 1962 1972 1977 1984 1986 2041 2074 2080 2086 2089 2095 2096 2114 2131 2149 2156 2165 2177 2182 2183 2203 2207 2212 2218 2257 2260 2281 2296 2338 2362 2411 2431 2441 2461 2470 2482 2488 2530 2533 2535 2560 2606 2611 2614 2623 2629 2653 2675 2678 2693 2694 2696 2699 2706 2714 2717 2724 2729 2732 2745 2764 2770 2773 2779 2796 2817 2844 2847 2850 2862 2865 2881 2901 2910 2919 2938 2940 2943 2946 2952 2961 2967 2970 2995 3010 3025 3028 3037 3040 3079 3083 3105 3139 3187 3212 3220 3241 3269 3280 3298 3303 3328</p>	<p>C T T C C T C C A G T C C C G C T T T T T G G T A T A T T A A A T C A T A T A A A T C A A C G G C G G C C G T C A T A A G T G G T G T T G T C C C C T G A T A C T C C A A C T C C C T T C G T C T T G</p> <p>Nucleotide Subject: A C T T T G C A C A C T T C T G T T A G T T C A C C G C G T A A T C T T T A C C T A T T A A G T C G T G T A T A A C A C G T G A T C G G A A T T G G C C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A C C T T T T A G C G C C T C G C A T T C C A T T A T C C A A T T G A A T A T T C T A C T C T C T A T G G A T T T G G T C T T T C T A A T G C T C C G G A C T T C A C C C G T G G C A C C A T T T C G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T G C G T T A T T A T G T C T G T A T T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T C T G T C C T T G T T G A G T T T A T A C C G C A A A G C A T A A T G G G T G A G G C C C G A T T T T T T T T T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G A T T C A A G T T A T T T G C T T G T C A T</p>

		3340 3353 3369 3370 3382 3385 3397 3425 3429 3439 3448 3458 3466 3470 3472 3484 3487 3490 3493 3520 3523 3527 3535 3556 3565 3568 3577 3587 3591	
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Skor: 6 Homology: 80.51 % Mutasi: 140 Nucleotide ke-: 12 18 26 30 32 34 36 50 63 77 96 101 144 150 156 163 169 172 181 188 189 193 196 199 202 211 232 237 269 275 287 318 324 331 333 346 347 360 365 372 416 427 437 450 599 616 636 638 643 652 671 726 747 781 793 815 936 1033 1092	Nucleotide query: A A T A T A T T A T T T T C A C A A T T T C G T T A T A A C G C C T T C A C C A G T A A A A T A G A G T G T T T T T T T C T G A T A T C A T C G T A G G A C C A A T T A T T T T A A T T C A G A G G A A T G C T C T A T T A T G T G G T T T A A C A T T T T G C C C T A G G A G G A A C A
	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	1118 1201 1202 1210 1339 1346 1347 1403 1421 1439 1440 1451 1458 1525 1529 1542 1587 1593 1596 1600 1652 1659 1723 1780 1872 1897 1901 1918 1965 1991 1994 2024 2058 2141 2171 2177 2244 2260 2268 2299 2376 2377 2383 2386 2468 2562 2598 2603 2604 2669 2713 2763 2780 2796 2939 3010 3016 3092 3105 3118 3128 3129 3257 3346 3360 3366 3372 3373 3374 3388 3391 3478 3480 3491 3493 3521 3533 3536 3545 3552 3558	Nucleotide Subject: T G G C G C G C T G A A A T G G G G C A A T T A C T G C C A C T A A A T T A G G C C T C G G C T A G C A A A G C G C C G A A C G G G G G C C T A G G T A G G G C T C C G G G A C C G C C A T T T A C G A A G G G C G G C G A T C C A G C G C C G G C G C A A A T G C G T A C C A C G G T
4.	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits,	Skor: 114 Homology: 96.33% Mutasi: 51 Nucleotide ke-: 5 21 24 39 47 103 146 147 148 160 170 174 177 244 253 299	Nucleotide query: G C T T A G A C C C A G T A C C T T A C C G A T A T C G G G T C A G T G G C A G A C A A C A G C A T A

	<p>complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p> <p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p>	306 320 336 338 346 399 400 428 435 442 506 553 668 674 739 741 754 774 819 832 889 912 1083 1091 1101 1317 1345 1365 1372 1431 1438 1442 1459 1594 1604	
			<p>Nucleotide</p> <p>Subject:</p> <pre>T T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C A A A T G T C A T T G A G T G T G G T T G C C</pre>
5.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p>	<p>Skor: 14 Homology:86.97 % Mutasi: 284 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 40 59 60 69 80 81 86 87 88 94 100 107 110 116 120 125 132 133 140 143 146 164 169 174 177 184 188 190 195 197 212 217 218 221 222 224 227 233 237 238 245 246 247 248 250 256 262 263 265 266 273 275 278 279 283 305 310 314 319 336 343 352 355 376 389 398 401 410 415 425 427 430 443 444 446 449 450 453 473 474 475 483 495 501 506 507 517 535 536 545 554 567 568 570 576 579 581 582 591 592 596 599 606 609 611 614 624 625 630 636 637 642 646 650 654 672 679</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>C G T G C A A T A A A C A T G G T G A C A A T A C G A A G C T A G G G C A A A A C T C A A G A G G T T T T T A A C C T G C A T C T A C T A A A A G T T G T T C G T C C G C C G G A G A G C C G C A C G T G T T T G G G G G T G C A A A T A G G C T T T A A C T G T T A G A A G T A A A T G A C A A G T G T T T C C A A C C A G G T A T T T T G G T G T T T A T G G C T C C C A G C G T T G A A T T A A T C C G A G A C A A G C C T A A A G A T A A C G T A T A C T A T T G T G G A G A T T T C G C G T A G C G C T T T T T G C A T T A T A A A G A A T C C A</pre>

		680 681 686 695 701 707 708 709 710 713 716 733 742 749 759 771 774 781 783 789 792 798 811 814 816 829 836 841 850 851 853 862 866 890 899 908 917 928 929 931 935 938 943 949 962 965 968 972 973 974 976 981 985 994 997 998 999 1018 1019 1022 1026 1027 1030 1034 1043 1058 1069 1095 1112 1129 1138 1148 1151 1154 1165 1166 1170 1176 1179 1182 1187 1189 1190 1193 1200 1203 1223 1237 1240 1241 1244 1251 1262 1264 1271 1285 1294 1297 1304 1328 1332 1335 1338 1348 1363 1366 1386 1402 1407 1408 1409 1412 1413 1420 1431 1437 1441 1453 1454 1456 1461 1472 1477 1488 1525 1528 1531 1544 1550 1553 1559 1565 1572 1595 1599 1604 1611 1620 1623 1626 1629 1631 1638 1641 1644 1657 1661 1666 1669 1688 1692 1719 1722 1726 1735 1737 1740 1745 1747 1748 1750 1751 1756	C T T T C A C C G C A C G A
		Nucleotide Subject: A C C T G T T C T C G T G C A C C A G T T T G T G T G T A G G C T A T T T T C T T G T G C T T C T G A C G C C T G G G T T G C A A T A A G C G T A C A C G C A A A A T T A T A C T T T A A A A T G T T C C C A G C A A T T A T T G G G C T T A T C C C T T T A C A A T T T G T C T C T A C T T G G T A A C A A A A T T T G G A A C G G C A C A A A C A C A T A A T T A G G T T T A A A C C G C A C T T G G C A T C G G G G C T T C T T T A C G T T T A A G C T T A G A A C A A A C T G A C A T T T C G C T T A T C C C C A T T G C G C C G G T T T T A A T T T C C C A G A A C T T T A T	
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp	Skor: 14 Homology: 81.43 % Mutasi: 197 Nucleotide ke-: 12 13 14 16 19 23 27 39 65 76 137 143 148 149 152 155 159 176 187 191 206 207 211 212 217 226 238 240 245 250 251 253 262 272 273 282 284 301 310 320 330 334 335 337 338 342 369 380 387 392 400 404 409	Nucleotide query: C A C T T C T G A G G G C G T T A A T C T T A T C C T A T T A A G T C G T G T T A A C A C G T G A T C A C A G G C T G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C A T A A A G C C T T T T G G C C C G C A T T C C A A T C C C A T T G T A G A T A T T G T A C T C C C T G G A C T T T

	Tahun: 1989	418 422 440 446 458 481 484 489 490 496 499 500 518 520 526 532 533 541 547 552 553 556 562 568 570 580 594 611 633 635 643 647 648 668 671 683 696 699 707 725 740 789 791 803 814 824 834 871 878 880 884 895 917 922 932 957 965 984 986 994 995 999 1003 1013 1019 1034 1039 1073 1082 1095 1102 1106 1120 1132 1139 1140 1141 1145 1151 1160 1163 1173 1186 1187 1190 1206 1207 1224 1228 1241 1244 1246 1251 1255 1267 1271 1274 1290 1292 1303 1314 1317 1342 1346 1347 1356 1371 1375 1376 1380 1404 1405 1414 1415 1419 1435 1438 1440 1441 1445 1468 1469 1483 1486 1493 1516 1522 1531 1534 1540 1543 1588 1606 1609 1614 1621 1624 1630 1633 1636 1644 1654 1662 1669	T G G T C T T C C T A A T G C T C C C G T A A C T T C A C C C G T G G A C C A T T T T C A T T C A C C T T C T G T T C C C A T T
7.	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: G G T A G T C C T A T T A A A A G G A G C C G C T A C G G C G G A A A T T A A G C T T T G T A G A T A A C T T A A T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C C T A G C C C G A A T C C G C T C T T G A T G C G A T C C T G T T C C C A C C T G A G C G A C C G A A T G A A A G T C C A C C T T A G A C T C G T G A T C A A T C G G G A G T G T A T A C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C	Nucleotide Subject: G G T A G T C C T A T T A A A A G G A G C C G C T A C G G C G G A A A T T A A G C T T T G T A G A T A A C T T A A T C A T G A G G C A G T C C C C T T T C C T A G C C C G A A T C C G C T C T T G A T G C G A T C C T G T T C C C A C C T G A G C G A C C G A A T G A A A G T C C A C C T T A G A C T C G T G A T C A A T C G G G A G T G T A T A C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G C A C C T T T T C C
	Avian infectious bronchitus virus (IBV)	Skor: -338 Homology: 94.99% Mutasi: 23 Nucleotide ke-: 112 188 269 281 351 353 869 918 955 956 1000 1027 1035 1094 1096 1118 1130 1140 1238 1377 1385 1583 1616	Nucleotide query: G G C A G C G C C T A G T T C C C T T C T T C
			Nucleotide Subject: A A T C C T T T A G G N C C

	(UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		A T T C C T C C T
8.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58067 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Skor: 14 Homology: 97.19 % Mutasi: 36 Nucleotide ke-: 58 113 134 215 230 298 337 340 637 729 817 820 840 844 866 895 903 935 975 983 1015 1066 1069 1088 1090 1096 1185 1186 1199 1325 1333 1414 1417 1531 1537 1564	Nucleotide query: A C A T C T T C C T T C G A T C A A N C T T T C C C T C C T T C G C C C T
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: G T G C G G A T T G G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C
9.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen:	Skor: 14 Homology: 98.02 % Mutasi: 27 Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 227 300 339 364 366 728 818 838 839 872 892 933 971 981 1042 1183 1197 1323 1481 1508 1529 1535	Nucleotide query: T T C C C A A T A A G T T C C T C G T A T C C G T T T

	<p>1560 bp Tahun: 1992</p> <p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p>	
10.	<p>Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985</p> <p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992</p>	<p>Nucleotide Subject: C C A T T G C C G G T C A A T G A C C C C T T C G C C</p> <p>Skor: -34 Homology: 39.13% Mutasi: 117 Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 270 273 284 287 288 304 308 309 318 328 336 337 355 400 522 700 766 793 816 842 923 926 934 949 1302 1385 1392 1424 1460 1525 1559 1560 1564 1609 1613 1621 1628 1705 1725 1738 1745 1767 1768 1776 1800 1808 1850 1853 1973 2030 2035 2071 2072 2116 2196 2200 2205 2224 2244 2245 2248 2293 2419 2450 2508 2554 2612 2630 2631 2679 2690 2718 2726 2738 2739 2747 2773 2814 2856 2925 2942 2944 2949 2970 2972 3074 3078 3092 3104 3105 3119 3165 3176 3177 3181 3193 3197 3214 3269 3287 3300 3360 3401 3402 3436 3440 3497 3520 3552 3589 3621</p> <p>Nucleotide query: T T A G C G T A T T C T A T G T C T G T A A G C T T T T A C T T A C C A A T A G G G T C T A C T T A T A A T G C T T C T A T A A A A C T C T T A A A T C T A C T T T G T T A T A T A T A G C G A T T T A A G T A C T T T G G T T G G T A C</p> <p>Nucleotide Subject: C C T T A A C G A G A C G C A A A A T A G G C A A G G G T A C C G G T A T C C C C A A C A A G T T A G C G T A T C C C C A A C A G T C G T G A A G A A C G C G T G G G G G G C A A A G G A A T A T C T G C G C C C C C A C G G A A C C C C C C T G</p>

Tabel G. Hasil Pengujian DNA virus corona jenis *Infectious bronchitis virus* dengan skor Match= 7, mismatch= -2, dan gap= 8

No	Definisi DNA	Hasil Pengujian	Perubahan Nucleotide
1 .	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -297 Homology: 84.15% Mutasi: 460 Nucleotide ke-: 54 63 64 73 75 77 79 80 81 87 91 96 108 109 111 112 113 115 118 122 126 138 154 155 156 158 162 165 166 168 171 181 209 212 213 229 232 243 244 250 253 254 261 262 267 270 281 285 289 300 301 305 306 311 317 319 320 321 323 324 329 331 336 341 342 344 353 363 364 373 375 385 388 391 400 403 409 416 418 422 423 425 426 430 445 464 465 466 478 481 482 485 489 498 502 506 524 530 536 542 552 553 557 558 563 566 571 572 577 578 581 582 600 602 608 614 615 623 629 634 635 638 644 650 652 661 662 663 675 692 714 716 728 729 749 752 764 768 770 776 779 787 791 794 803 818 867 869 881 892 902 912 943 944 946 948 949 950 953 955 962 963 965 966 968 974 979 980 987 988 989 992 998 1000 1001 1004 1026 1034 1053 1063 1068 1072 1082 1088 1103 1130 1142 1151 1154 1157 1158 1162 1169 1173	Nucleotide query: A C T A T A T G T G C A T A C A C T T C T G T G T T A A C G G T C A G A G C G T C A G C T A T C A T T A T C T G T C T G T A T T A A G T C G T A T G T A T T A A C A C G T G G G T C A C A T A G G C C T A G A G G G C C T G A A T T A C T T T T A C C T C T C A T T A A A C C T T T T G T A G G C G C C C G C A T T A G C G G C C A T T C T A T T A T A C T C A A A A A T T G A A T A T A C T A T A A C T C T C C C T A A G G A T T T A G G A T T G G T C T C T T C T A A T G C G C T C C G C C G T T A A A C T T C A C C G C G C A T G G C A C C A T T T G C A C C T T T T G T C C C A T T A A G C G T C G C G T T T A C C C T T A G T G C T C G A T T T T G G C T C A A C G A A A C C C T C C C A T A T T T C G T G T C C T T G T T A G A G T T T A T G A A A C T C G C A A A G C A T T G A C T A T G G A T T G T G A G C C C G A T T T T T T T T G T G T C T G C C G T C A A A C C A C T A

		1175 1187 1199 1202 1203 1204 1206 1207 1211 1226 1229 1232 1235 1239 1240 1241 1244 1250 1253 1269 1270 1283 1284 1286 1290 1303 1306 1308 1313 1317 1325 1326 1328 1332 1335 1351 1353 1361 1362 1363 1365 1366 1373 1376 1377 1401 1405 1406 1415 1430 1434 1435 1439 1460 1463 1464 1468 1469 1472 1473 1477 1488 1493 1496 1498 1499 1503 1527 1541 1577 1589 1592 1598 1601 1646 1664 1667 1672 1679 1688 1691 1694 1702 1712 1720 1727 1738 1739 1746 1754 1765 1772 1796 1803 1821 1832 1845 1848 1856 1878 1886 1889 1895 1898 1901 1949 1961 1966 1971 1976 2012 2069 2070 2072 2078 2084 2087 2093 2094 2129 2147 2154 2163 2164 2175 2176 2180 2181 2182 2190 2201 2205 2210 2216 2232 2241 2252 2255 2258 2283 2294 2339 2358 2360 2409 2429 2439 2459 2468 2480 2486 2528 2531 2558 2593 2597 2604 2609 2612 2621 2627 2651 2663 2664 2672 2675 2685 2690 2691 2693 2696 2703 2711 2714 2721 2726 2729 2736 2738 2741 2745 2747 2759 2765 2768 2774 2781 2782 2783 2789 2810 2837 2840 2843 2855 2858 2874 2894 2903 2912 2931 2933 2936 2939 2945 2954 2960 2963 2972 2975 2987 3002 3020 3029 3032	A C A G T A A T T G C C T C C C T A A A G A G T T T T T T G C T T G T C A A C Nucleotide Subject: C A G C A G A A C A T T T A G G G T A G T C C C A A C T G T A A G T G A T T A A A T G C G C G A G T C C G C T A T A A A A C G G C G G A A A T A T G A G T C A T T T G T A C T C A A T C A C A T A A T T C G C G A A T G A A G G C A G T C C C C T T T C T A G T G C C C G A T C C G C T C T C T A T T G A T G C G T A G A A T G C G T A G A A T T C C A A G G G C C C T T A T C T C G C C A C G A G C G T C C C T C G A A C T G C G C A A G C A C G A A T A T T A G C A A C T C G T G C T A T C A A T T T C G C G C G G A G T G T A A T A A T C A A T T T G T A G C A T T G T T G C G C A C T T T T C C G G A T C C T T G T C C A G T T A C T T C A T G T A T C C C G G A T T C T C C G C T G G T T T C T T G C G G C A T A C T C T T C C T C C G A G T C C C G C A T T C T C T T T G G T A T A C T T T A T A A A T A C T C A T A T A A A T C A A C G G C G G A G C C T C A A A A G T G G G T T G T C C C T G A C T T A C C T T C T T C G G C T C A A
--	--	--	---

		3075 3097 3114 3131 3179 3204 3212 3261 3272 3290 3295 3320 3332 3361 3362 3374 3377 3389 3408 3410 3416 3419 3422 3423 3424 3425 3428 3437 3440 3441 3443 3444 3449 3450 3452 3456 3458 3470 3476 3479 3506 3509 3513 3521 3542 3551 3554 3563 3572 3573 3574	C C C C T T C G T C T G T A
2.	Infectious bronchitis virus (6/82) RNA for spike precursor protein. Accession: X04723 Panjang Sekuen: 3557 bp Tahun: 1986	Skor: 7 Homology: 86.30 % Mutasi: 462 Nucleotide ke: 16 25 26 35 37 39 41 42 43 49 53 58 70 71 73 74 75 77 80 84 88 100 103 116 117 118 120 124 127 128 130 133 143 164 171 174 191 194 205 206 212 216 223 224 232 243 247 259 262 263 267 273 279 281 282 283 285 286 291 293 298 303 304 306 315 325 326 335 337 347 350 353 362 365 371 374 378 380 384 385 387 388 392 407 418 420 428 435 440 443 444 447 448 451 453 459 460 462 464 468 486 492 498 504 514 515 519 520 525 528 533 534 540 543 544 562 564 570 576 577 585 591 596 597 600 606 612 614 623 624 625 637 654 676 678 690 691 711 714 726 730 732 738 741 749 753 756 765 780 809 829 831 843 854 864 873 874 875 896 897 903 904 906 908 909 910 913 915 922 923 925 926 928 934 939 940 947	Nucleotide query: C A G C A G A A C A T T A G G G T A G T C C C C A A C T G T A A G C T G T T A A A G C G G A G C C C G T A T A A A A C G G C G G A A A T A T G A G T C T A T T T G T A C G C A T A T C A T C C C A A T A A T T C G C G A A T G A G G G C A G T C C C C T T T C T A G T G C C C G A T C C G C T C T C T A T T C G A T G C G G A T C T A G A A T T C C A A G G C C C T T A T C G C C A C G A G C G T C C C T C G A A C T G C G C A A A G C A C G A A T A T T A G C A A A C T C G T G C T A T C A A T T T C G C A G G G A G T G T A T A A T C A A T T T G T A G C A A T G T T G C G C A C T T T C C G G A T C C T G T C A G A C T C T C T G A G G A T C C C G G A T G T C T C G T G T T C T G G C A T C T C T T C C T C C A G T C C C G C A C T T T T T T G G T A T A C T

		948 949 952 962 965 987 995 1014 1024 1029 1033 1043 1049 1064 1091 1103 1112 1115 1118 1119 1123 1130 1134 1136 1148 1160 1163 1164 1165 1166 1167 1168 1172 1187 1190 1193 1196 1200 1201 1202 1205 1211 1214 1230 1231 1244 1245 1246 1247 1251 1264 1267 1269 1274 1278 1286 1287 1289 1293 1296 1312 1314 1322 1323 1324 1326 1327 1334 1336 1337 1362 1366 1367 1376 1391 1395 1396 1400 1424 1425 1429 1430 1433 1434 1438 1449 1454 1457 1459 1460 1464 1488 1502 1528 1538 1550 1553 1559 1562 1607 1625 1628 1633 1640 1649 1652 1663 1673 1681 1688 1699 1700 1707 1715 1726 1733 1764 1782 1793 1806 1817 1839 1856 1859 1862 1907 1910 1922 1932 1937 1944 1946 2001 2030 2031 2033 2039 2045 2048 2054 2055 2073 2090 2108 2115 2124 2136 2141 2142 2162 2166 2171 2177 2216 2219 2240 2255 2297 2321 2370 2390 2400 2420 2429 2441 2447 2489 2492 2494 2519 2565 2570 2573 2582 2588 2612 2624 2625 2633 2636 2651 2652 2654 2657 2664 2672 2675 2682 2687 2690 2697 2699 2702 2706 2708 2720 2726 2729 2735 2739 2742 2743 2744 2750 2771 2798 2801 2804 2816 2819 2835 2855 2864 2873 2892 2894	Nucleotide Subject: A C T A T A T G T G C A T A C A C T T C T G T T G C T A A C G G T T C A C G C G T A G C A T C T T T A C T G T C T G T A T T A A G T C G T A T G T A T C T A A C A C G T A G G A T C A C G A A T T T A G G G C C T A G A G G C C T A A T T A C T T T T A C C T C C C A T T A A A C C T T T T G T A G C G C C T C G C A T T A C C C A A G C G G C C A T C T A T T A T A C T C A A T T G A A T A T T C C T A T A A C T C T C C T A G T G G A T T T A G G A T G G T C T C T T T C C T A A T G C G C T T C C G C C G T T G A A C T T C A C C C G C A T G G C A C C A T T T C G C A C C T T T T G T C C A T T A A G C G T G C G T T A T T A T G T C T G T A G A T T T T G G T C T C A C A A C C T C A T T T C T G T C C T T G T T G A G T T T A T G G A A C C G C A A A G
--	--	--	---

		2897 2900 2906 2915 2921 2924 2933 2936 2948 2963 2978 2981 2990 2993 3032 3036 3058 3092 3140 3165 3173 3194 3222 3233 3251 3256 3281 3293 3306 3322 3323 3335 3338 3350 3369 3371 3377 3380 3383 3384 3385 3386 3389 3398 3401 3402 3404 3405 3410 3411 3413 3417 3419 3431 3434 3437 3440 3467 3470 3474 3482 3503 3512 3515 3524 3533 3534 3535 3537	C A T T G A C T A T G G C A T T G T G A G C C C G A T T T T T T T T T G T G T A C T G A C C T C A A C A C C A C T T A A C A G T A A T T G C C T C C T A A A G A G T T A T T T G C T T G T C A A C T
3.	Infectious bronchitis virus (M41) RNA for spike precursor protein. Accession: X04722 Panjang Sekuen: 3554 bp Tahun: 1986	Skor: -1 Homology: 80.31 % Mutasi: 171 Nucleotide ke-: 12 18 26 30 32 34 36 50 63 77 96 101 141 142 143 149 155 159 160 161 167 170 179 186 187 191 194 197 200 209 230 235 267 273 285 316 322 329 331 344 345 358 363 370 479 506 519 565 566 570 595 598 611 612 632 634 639 648 667 717 723 739 742 776 788 810 931 1028 1087 1113 1188 1191 1195 1196 1204 1333 1340 1341 1357 1381 1396 1414 1432 1433 1444 1451 1518 1522 1535 1538 1546 1579 1585 1588 1592 1644 1667 1670 1702 1714 1771 1863 1893 1902 1919 1925 1928 1955 1981 1984 2014 2047 2057 2059 2060 2061 2071 2129 2154 2248 2256 2287 2364 2365 2371 2374 2456 2550 2586 2591 2592 2657 2701 2751 2768 2784 2927 2943 2952 2957	Nucleotide query: A A T A T A T T T A T T T G T T C A G C C A A T T T C G T T A T A A C G C C T T C A C C A C T C A T A A A T A T A G A G A T T G G T T T T T T T T G G C T G A T A T C T C A T C G T A G A A G A C C A T T G C T T A T T T G G T A A T T C T T T T G G A G A T T G C T C T A T T T A T G T G G T G C G G A C A G A T T T T T G C C C T A G T C T T G G A A T G T T A
	Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: T G G C G C G C T G A A A C A T G C A G G G C A A T T A C T G C C A C T A A A T T A G G T C G G C T T T G G C T A G C G A A A A G C G C C G A C A A C G G G C G G G C C T A G G T T T A G G G G C G A A C C G C G A C C C C G C C T A G G T T G A C G A A G G G C G G C G A T C C A G T T	

		2968 2975 2991 3015 3096 3098 3104 3243 3332 3346 3352 3358 3359 3360 3374 3377 3469 3475 3487 3488 3502 3515 3516 3517 3525 3528 3544 3547 3549 3550 3551	A C G T C C C C G C A A A T G C C C A A G A C A C G C G A A G G
4.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain D1466) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21971 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p> <p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968 Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989</p>	<p>Skor: 7 Homology: 96.33% Mutasi: 57 Nucleotide ke-: 5 10 11 20 23 38 46 102 145 146 147 159 169 173 176 243 252 298 305 319 335 337 345 398 399 427 434 441 505 552 570 571 666 672 737 739 752 772 817 830 887 910 1081 1089 1099 1315 1343 1363 1370 1421 1422 1428 1435 1439 1456 1591 1601</p>	<p>Nucleotide query: G T C C T T A G A C C C A G T A C C T T A C C G A T A T C G G C G G T C A G T G G C A G A C A A C T C A G C A T A</p> <p>Nucleotide Subject: T C A T C C G A G T T T G C C T T T C A C T A T C C C C T C C A A A A T G T C A T T G A G T G T G G T G T T G C C</p>
5.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain V1397) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21968</p>	<p>Skor: 7 Homology: 85.24 % Mutasi: 468 Nucleotide ke-: 9 13 14 19 23 24 39 43 44 47 53 54 60 67 68 69 72 73 74 75 76 81 82 83 89 95 99 100 101 104 110 114 119 126 127 134 137 140 144 145 146</p>	<p>Nucleotide query: C G T G G C C T T G A A A T A G G A A A A A C A T G C A G T G A C A A T A C C T T A G A A A A T A C C T G G G C A A A A C C A T C A A G A G G T T T T T T A A A C C T T C A A G G C A T T A C G C T A C G C G G A A A T</p>

	Panjang Sekuen: 1605 bp Tahun: 1989	149 156 157 158 159 165 166 169 171 172 180 186 188 203 208 209 212 213 215 218 221 222 223 227 228 235 236 237 238 240 246 252 253 255 256 260 261 262 264 267 268 272 285 286 287 288 289 292 297 301 306 312 314 319 321 322 326 337 340 351 352 356 357 362 363 365 367 371 372 378 381 382 383 389 391 392 393 403 405 408 415 416 418 426 427 428 433 435 439 440 449 450 451 456 457 458 461 462 468 470 471 475 476 477 480 481 486 488 490 492 493 496 500 503 504 511 514 515 516 517 520 522 524 532 533 535 541 544 546 547 553 554 555 556 559 560 561 562 569 572 574 577 587 588 593 599 600 605 609 613 617 627 628 633 635 638 640 641 642 647 656 662 668 669 670 671 674 677 681 683 691 692 693 694 695 700 704 705 706 716 728 731 738 740 746 749 755 759 760 767 770 772 780 781 784 791 796 800 801 804 805 807 812 813 816 817 823 824 825 827 829 830 839 840 842 848 857 866 870 873 876 877 879 883 886 889 890 891 893 894 895 908 911 914 918 919 920 922 927 931 936 938 939 942 943 944 963 964 967 970 971 972 973 974 978 987 994 995	A T A C A A A A G G T T G A A C T T T C T A G A C G C T A C G C G C C T A G A A C G C G G A C G C T C A G T G T C C A C G T G T C T T T G G A G G G G T G C A A A T A G G A G C G T T T T A A C T G G T A G G T A C A A C A T A G T A A A T G A C C G A A G T G T G T G A T T T A C C A T G G A A C C A T C A A C G G G T A T C T A T T T T G G T G T T A T G T G G C T C C A C A G G C G C T T T A G G G A A T A T T A A A G T C T G A G A C A A G C C T A A A G A A T A A C G C C A A C A C G T C T A T A G C T A T A C A T T A G A A A A T C T A T T G T G T G G A G A T T G T A C G C G T A A T G A G G A T T C C G C T G T T T T G G G C C A T A C C A T T A T A T A A A G A A T C C A T A C T A T T A G T A A G T T C A C C A G C A C G A A
	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp	Nucleotide Subject: A C C T C T G A C T G C T A C A A G T T C G T G C A G C C C A G T T T G T G G C G T A T T T G A C A A G T A T T T T C T T T C G T G C T T C T G A C G C G T C T G G G A G T C A T T G C C T G T A C	

	Tahun: 1989	1001 1011 1012 1014 1037 1053 1054 1055 1070 1079 1089 1092 1095 1099 1101 1105 1106 1110 1116 1119 1122 1127 1129 1130 1133 1140 1143 1163 1177 1180 1181 1184 1191 1201 1202 1203 1206 1209 1210 1211 1212 1213 1216 1217 1221 1230 1233 1236 1237 1239 1242 1244 1246 1249 1257 1258 1260 1264 1267 1270 1274 1275 1279 1282 1283 1284 1285 1286 1291 1294 1307 1308 1310 1311 1312 1327 1328 1330 1332 1333 1334 1337 1338 1345 1356 1362 1365 1366 1367 1377 1378 1380 1385 1396 1401 1405 1406 1409 1421 1422 1426 1431 1432 1440 1441 1444 1447 1450 1453 1454 1462 1468 1471 1477 1481 1483 1484 1490 1492 1493 1494 1495 1498 1499 1509 1513 1518 1524 1525 1527 1533 1536 1539 1542 1544 1551 1554 1557 1570 1574 1579 1582 1585 1586 1600 1603 1604 1605 1606 1608 1609 1610 1612 1615 1616 1627 1630 1634 1643 1645 1648 1652 1654 1655 1656 1658 1660 1661 1663	T A T A A A G T G G C C C G G C T C A A C A C T C G A A A C G T T T T A G T T T G C A A C C C C T A T A T T G G A A A A T C C A A T T G T T C C C T G A G C A C A A T T A T T G G G C T T A G A G T A C C C T T T A C A A T T T G G G T C A G C T T C T C C A C T T A C G G T G C A A C C G A A A G T A T C T T T C G T T C T G G A C A A C G G T C C G A A C A A A C A C A T A T A A T T A G G T T G T T A A T G A C C A C G T G C A C T T C A G G C A T C G G G G C T T C T T T A T C A T G T T A G C A T T A G T A T A G T G C G C T T C A A C A C T G G A A C C A A A C T A A A C T G A C A A C T T T C G C T G A C T A C A C T T A T A T C C C C C A A A A T G G T T T G C C G A C C G G T T T T A A T T A C T C C A G T T C T G A C C A G A A C T T T A A C T
6.	Avian infectious bronchitis virus (strain H120) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession:	Skor: 7 Homology: 81.49 % Mutasi: 274 Nucleotide ke-: 8 9 11 12 13 15 18 22 26 38 54 55 56 62 65 66 68 71 132 138 143 144 147 150 154 161 162 170 181 185 200 201 205 206 211 217 219 220 221	Nucleotide query: T A C A C T T C T G T G C A A C G G G G G C G T T A G T A T C T T A T C T G T C T G T A T T A A G T C G T A T G T A T T C T A A C A C G T C C T G A T C A C A C T C A G G C T A G A G G C C T A A T T A

	M21970 Panjang Sekuen: 1611 bp Tahun: 1989	C T T T T T A C C T C C C A T T A A A A G C C T T T T G T G G C G T C C C G C A T T A C C A A A G C G G C C A A T C T A T A T T A C T C A T T G T A G A T A T T G T A T A A C T C C C A G T G G A C T T A T G G A T T G G T C T C T T C T A A T G C G C T C C G C C G T T A A C C T T C A C C C G C A T G G A C C A T T T T C A T T C A A C C T T C T G T T C C C A T T
	Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds. Accession: M21969 Panjang Sekuen: 1614 bp Tahun: 1989	Nucleotide Subject: A G G G T A G T C C C A A T G T A A T T A A A A A G C G G A G C C G C T A T A A A A A C G G C G G A A A A T A T G A G T C C T A T T T G T A C T A G A T A T C A C T C A T A A T C G C G A A T G A G G C A G T C C C C T T T C T A G T G C C C G A A T T C C G C T C T C T A C T T G A T G C G G A T C T A G A A T T C T C A A G G G C C A T T A T C C C A C C C T G A G C G A C C C T C G A A T G G C A A A G T C C G C A A T A C C T A G C A A C T C G T G C T A T C A A T T T C G C G G G A G T G T A T A A T C A A T T G T A C G C T G C C T G T T G C G G C A C C T T T T C C

7.	<p>Avian infectious bronchitis virus (strain D207) peplomeric protein gene encoding the S1 and S2 subunits, complete cds.</p> <p>Accession: M21969</p> <p>Panjang Sekuen: 1614 bp</p> <p>Tahun: 1989</p>	<p>Skor: -345</p> <p>Homology: 94.98%</p> <p>Mutasi: 27</p> <p>Nucleotide ke-: 112 188 269 281 347 348 350 352 807 808 867 916 953 954 998 1025 1033 1092 1094 1116 1128 1138 1236 1375 1383 1581 1614</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>G G C A A G G C G T G C C T A G T T C C C T T C T T C</pre>
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58067</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>		<p>Nucleotide Subject:</p> <pre>A A T C G T C T C G T T A G G N C C A T T C C C T C C T</pre>
8.	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/123/82) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58067</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	<p>Skor: 7</p> <p>Homology: 97.18 %</p> <p>Mutasi: 44</p> <p>Nucleotide ke-: 58 113 134 215 226 227 229 296 298 299 305 306 334 337 634 726 753 754 813 816 836 840 862 891 899 931 971 979 1011 1062 1065 1084 1086 1092 1181 1182 1195 1321 1329 1410 1413 1527 1533 1560</p>	<p>Nucleotide query:</p> <pre>A C A T G C C C T C C A T C C T C G T C G A T C A A N C T T C C C T C C C T T C G C C C T</pre>
	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein</p>		<p>Nucleotide Subject:</p> <pre>G T G C C A G G C A T C A T T G G T G T T G C T C C G T C C A T T C T T C C T A T T T C</pre>

	S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		
9.	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/142/86) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58066 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992	Skor: 7 Homology: 98.02 % Mutasi: 31 Nucleotide ke-: 70 113 131 143 183 226 227 229 299 305 306 337 362 364 726 816 836 837 870 890 931 969 979 1040 1181 1195 1321 1479 1506 1527 1533	Nucleotide query: T T C C C C A G A T C T A A G T T C C T C G T A T C C G T T T
	Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit. Accession: X58065 Panjang Sekuen: 1560 bp Tahun: 1992		Nucleotide Subject: C C A T T G G C C C A C G G T C A A T G A C C C C C T T C G C C
10.	Coronavirus IBV gene for spike protein precursor (infectious bronchitis virus). X02342 Accession: X02342 Panjang Sekuen: 3645 bp Tahun: 1985	Skor: -41 Homology: 39.01% Mutasi: 138 Nucleotide ke-: 102 224 229 232 243 244 250 253 254 261 262 267 270 281 284 285 301 305 306 315 325 333 334 352 397 488 491 513 564 648 672 708 764 772 774 816 825 826 833 851 882 916 987 988 1110 1131 1136 1137 1159	Nucleotide query: T T A G C G T C A G C T A T T C T A T G T C T G T C A A T T A A G A C C C T T T G A C A A A C T C T T T A G G T T A T A C A T A T A A A T C A T A G T A T C A T A G T T T T C T A T G T G G A A G G T T G T T T T T T A A A A T C G A T T T A T C G T T A T A A A A A T T T G G A T T

	<p>Avian infectious bronchitus virus (IBV) (UK/167/84) spike (S) gene for spike glycoprotein S1 subunit.</p> <p>Accession: X58065</p> <p>Panjang Sekuen: 1560 bp</p> <p>Tahun: 1992</p>	1162 1213 1222 1237 1242 1256 1279 1281 1319 1330 1344 1368 1372 1374 1375 1376 1385 1386 1393 1423 1554 1672 1706 1749 1751 1802 1857 1930 1966 1973 2038 2039 2043 2049 2051 2065 2067 2084 2090 2259 2384 2412 2425 2489 2517 2624 2654 2715 2764 2805 2847 2934 2952 3109 3115 3185 3186 3192 3195 3237 3309 3325 3335 3343 3348 3380 3406 3413 3419 3424 3462 3467 3470 3503 3530 3531 3533 3545 3546 3549 3610 3623 3632 3634 3636 3638 3641 3644 3645	<p>Nucleotide Subject:</p> <p>C C T T A A A T G C G C G A G A C G C A A A A T A T G C G G C C C T G A A G G C C G T G C G A A G G G C A A G A C A C T G G C G G C C A T G G G C A T G G T C T T A G C A G C C C T G T A G G C C G C A C G A A G G G T G G G T C G A A G G G A A A C G G T G C C A G G C T C G G C</p>
--	---	---	---

BIODATA PENULIS



Penulis bernama lengkap **Alfiana Ririsati Dewi**, lahir di Lamongan, 15 Agustus 1996. Anak pertama dari 3 bersaudara. Penulis menempuh pendidikan di MIN Model Kawistolegi, SMPN 1 Karanggeneng, dan SMAN 2 Lamongan. Selanjutnya, penulis melanjutkan pendidikan tingginya di Departemen Matematika Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS) Surabaya dengan mengambil bidang minat Ilmu Komputer. Selama mengikuti perkuliahan di ITS, penulis turut aktif dalam beberapa kegiatan kemahasiswaan sebagai Ketua Departemen Applied Science Himatika ITS periode 2016/2017, staff Departemen Big Event LDJ Ibnu Muqlah ITS Periode 2015/2016, Sie. Soal Olimpiade Matematika ITS (OMITS), Participant ITS Goes Global Singapore pada tahun 2017, dll. Selain aktif dalam beberapa kegiatan kemahasiswaan, penulis juga mengikuti Kerja Praktek di PT INFOGLOBAL TEKNOLOGI SEMESTA pada tahun 2017 dan ditempatkan di Departemen Infrastruktur. Informasi lebih lanjut mengenai Tugas Akhir ini dapat ditujukan ke penulis melalui email: ririsalfiana@gmail.com.