

# PERANCANGAN *FRAMEWORK* SISTEM PELACAKAN DINAMIKA GENETIK VIRUS AVIAN INFLUENZA MENGGUNAKAN TEKNOLOGI SPATIAL ON LINE ANALYTICAL PROCESSING (OLAP)

Sri Yulianto Joko Prasetyo

*Fakultas Teknologi Informasi Universitas Kristen Satya Wacana Salatiga*

sriejulianto@yahoo.com.au

## ABSTRACT

*On Line Analytical Processing (OLAP) emerges as a very powerful paradigm for strategic analysis of databases. Uptake of OLAP tools in epidemiology sector, particularly in surveillance of avian influenza infection (H5N1 viruses), is hindered by their cost and the investment required on acquisition, integration, and standardization of required data. Volume of data, multiplicity of hierarchies, temporal distribution databases, and multiplicity of aggregation are major issues in analytical of health sources data. Analysis of multi-variate outbreaks, endemic, and epidemic systems can be performed in an efficient manner through OLAP tools. In this work we have designed a multidimensional OLAP tool and applied it on a previously developed surveillance genetics dynamic of H5N1 using data warehouse containing genetic data mart, molecular data mart, epidemiology data mart, demographics and meteorological data mart. Spatial information is used for identification of viruses' spread based on geographical position. This application uses a mathematical function as a forecast subtype variant based on genetics and molecular structure.*

**Keywords:** *OLAP, Data Warehouse, Epidemiology, Surveillance.*

## 1. Pendahuluan

Lebih dari satu abad, beberapa subtype dan variasi mutasi dari virus influenza A telah menyebabkan pandemi. Pada tahun 1918 virus influenza subtype H1N1 telah menyebabkan kematian lebih dari 40 juta orang di seluruh dunia. Pada tahun 1957 virus subtype H2N2 dan tahun 1968 virus subtype H3N2 menyebabkan kematian lebih dari 1 juta orang di Asia. Pada tahun 2003 lebih dari 83 orang terinfeksi dengan virus subtype H7N7 dan H9N2. Pada tahun 2004, virus subtype H5N1 dan H7N2 telah menginfeksi puluhan penduduk Vietnam, Thailand, dan Kanada<sup>[2]</sup>. Di Indonesia sejak Juli 2005 hingga 20 November 2006, dilaporkan dari 796 kasus yang diduga terinfeksi virus subtype H5N1 berdasarkan pemeriksaan laboratorium, klinis, dan epidemiologi Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan (Balitbangkes) dan NAMRU-2, 74 orang dinyatakan positif terinfeksi virus H5N1 dan 56 orang di antaranya meninggal dunia. Mekanisme transmisi khususnya virus sub type H5N1 dari manusia ke manusia diduga terjadi karena proses rekombinasi genetik antara virus influenza burung dan virus influenza manusia, yang dibagi dalam tiga proses, yaitu:

1. Manusia mengalami mutasi genetik akibat terinfeksi virus, virus beradaptasi untuk mengenali *linkage* RNA pada manusia, atau virus burung tersebut mendapatkan gen dari virus influenza manusia sehingga dapat bereplikasi secara efektif di dalam sel manusia. Subtype baru virus H5N1 ini bermutasi sehingga mampu untuk membuat protein tertentu yang dapat mengenali reseptor yang ada pada manusia,
2. Virus avian maupun human influenza virus secara bersamaan menginfeksi manusia. Terjadi rekombinasi genetik, menghasilkan strain virus baru yang sangat virulen bagi manusia.
3. Mutasi H5N1 menghasilkan varian virus H5N1 baru yang dapat mengenali reseptor spesifik yang ada pada sel manusia (natural human  $\alpha$ 2-6 glycan), sehingga penularan virus H5N1 dari manusia ke manusia dapat terjadi dengan mudah<sup>[1]</sup>.

Virus influenza A dapat menyebabkan pandemi karena mudahnya bermutasi membentuk varian baru yang lebih patogenik, antara lain sub type H7N7, H3N2, H2N2, H1N1, H3N8, dan H2N2<sup>[2]</sup>. Pandemi virus influenza type A dipelajari untuk mengetahui distribusi spasial, epidemiologi, struktur sosial wilayah studi, dinamika jaringan, identifikasi kecenderungan, estimasi, dan prediksi ketidakpastian kejadian. Pemodelan matematis sebagai fungsi dalam OLAP digunakan untuk melakukan perbandingan, perencanaan, evaluasi, deteksi potensi kejadian, penentuan protokol preventif, dan pengendalian berbagai program yang telah dijalankan oleh pemerintah. Pemodelan matematis merupakan perangkat (tool) penting untuk analisis distribusi dan pengendalian wabah penyakit baik pada lingkup kecil tertentu (*outbreak*), lingkup lebih luas (epidemi) dan lingkup global (pandemi). Dalam pemodelan matematis keseluruhan entitas baik pada *outbreak*, epidemi, dan pandemi dapat diformulasikan dalam bentuk asumsi, variabel, dan parameter. Proses pemodelan matematis dalam bentuk simulasi komputer merupakan perangkat eksperimental untuk menguji kerangka konseptual yang dibangun, menentukan prediksi kuantitatif, menentukan sensitivitas perubahan nilai parameter spesifik dan menghitung parameter kunci dari data yang tersedia. Pemahaman karakteristik transmisi penyakit dalam suatu komunitas, provinsi, pulau, dan negara merupakan pendekatan yang sangat tepat untuk melakukan upaya penurunan distribusi penyakit tersebut.

## 2. Konsep Spatial OLAP

Spatial On Line Analytical Processing (SOLAP) dapat didefinisikan sebagai platform visual yang dibangun untuk mendukung proses analisis spatio-temporal dan eksplorasi data dengan pendekatan multidimensional dan ditampilkan dalam lingkungan kartografis yang dilengkapi diagram tabular. SOLAP merupakan jenis aplikasi level client dalam

lingkup aplikasi data warehouse yang disajikan dalam lingkungan aplikasi sistem informasi geografis atau pemetaan dalam lingkungan web. Arsitektur sistem SOLAP tersusun atas struktur multidimensional pada basisdata spatio – temporal, SOLAP server dan SOLAP client<sup>[3]</sup>. Basisdata spatio – temporal menyimpan geometri yang diasosiasikan dengan dimensi dan ukuran data. SOLAP server menangani basisdata spatio – temporal multidimensional dan komputasi numeris untuk penentuan nilai yang merupakan asosiasi/relasional antar dimensi atau parameter yang memungkinkan untuk dilakukan. SOLAP client dapat didefinisikan sebagai suatu perangkat lunak yang menyediakan navigasi dengan basisdata spasial dan beberapa tingkatan informasi model tampilan, peta, tabel, diagram, dan sinkronisasi antar data. Sistem SOLAP telah dikembangkan dan diimplementasikan selama beberapa tahun terakhir untuk berbagai tujuan organisasi seperti transportasi, kesehatan, keamanan, kehutanan, agribisnis, arkeologi, dan aplikasi untuk SAR (Search And Rescue).

Informasi pada SOLAP disajikan dalam berbagai bentuk. Informasi utama berupa histogram yang terdiri atas 7 jenis meliputi grafik batang horizontal dan pandemonium, grafik lingkaran, grafik titik, grafik garis, grafik areal serta kombinasi dari keseluruhan. Informasi utama lainnya adalah dalam bentuk kartografis. Terdiri dari beberapa jenis, peta sederhana (peta tunggal yang ditampilkan dengan beberapa elemen endemik dan merefleksikan dimensi spatial). Peta tematik kompleks (peta tematik terdiri atas berbagai variabel visual seperti warna, pola dan simbol) yang dilengkapi dengan histogram.

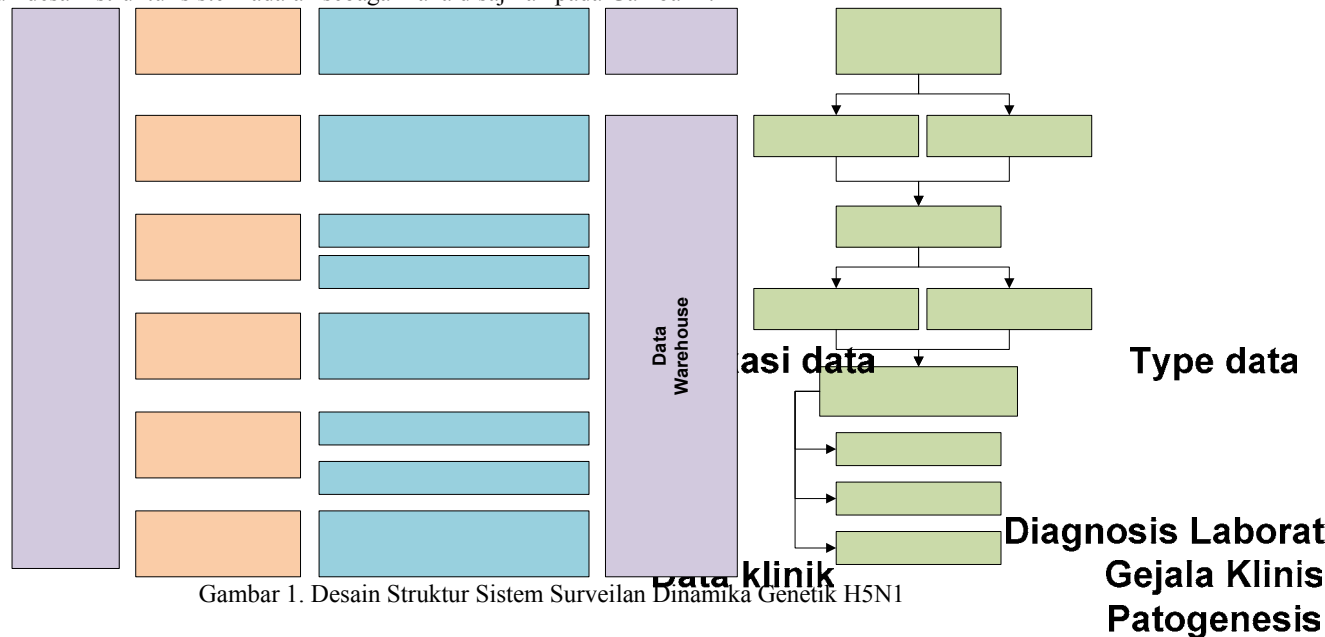
### 3. Biologi Molekuler Virus Influenza

Virus influenza merupakan virus RNA termasuk dalam kelas Orthomyxoviridae. Asam nukleat virus ini beruntai tunggal, terdiri dari 8 segmen gen yang mengkode sekitar 11 jenis protein. Virus influenza mempunyai selubung/simpai yang terdiri dari kompleks protein dan karbohidrat. Virus ini mempunyai tonjolan (*spikes*) yang digunakan untuk menempel pada reseptor yang spesifik pada sel-sel hospesnya pada saat menginfeksi sel. Terdapat 2 jenis *spikes* yaitu yang mengandung hemagglutinin (HA) dan yang mengandung neuraminidase (NA), yang terletak di bagian terluar dari virion Virus influenza dan mempunyai 4 jenis antigen yang terdiri dari, pertama protein nukleokapsid (NP), kedua Hemagglutinin (HA), ketiga Neuraminidase (NA), dan keempat protein matriks (MP). Berdasarkan jenis antigen NP dan MP, virus influenza digolongkan dalam virus influenza A, B, dan C. Virus Influenza A sangat penting dalam bidang kesehatan karena sangat patogenik baik bagi manusia, dan binatang, yang menyebabkan angka kesakitan dan kematian yang tinggi, di seluruh dunia. Virus influenza A ini dapat menyebabkan pandemi karena mudahnya mereka bermutasi, baik berupa *antigenic drift* ataupun *antigenic shift* sehingga membentuk varian-varian baru yang lebih patogenik. Terdapat 15 jenis protein HA dan 9 jenis protein NA. Dari berbagai penelitian seroprevalensi secara epidemiologis menunjukkan bahwa beberapa jenis virus influenza A telah menyebabkan wabah pandemi antara lain H7N7 (1977), H3N2 (1968), H2N2 (1957), H1N1 (1918), H3N8 (1900), dan H2N2 (1889). Virus influenza B adalah jenis virus yang hanya menyerang manusia, sedangkan virus influenza C, jarang ditemukan walaupun dapat menyebabkan infeksi pada manusia dan binatang. Jenis virus influenza B dan C jarang sekali atau tidak menyebabkan wabah pandemi<sup>[2]</sup>.

Virus Avian Influenza termasuk dalam klasifikasi virus influenza tipe A. Dua tipe lainnya adalah virus influenza tipe B dan virus influenza tipe C. Ketiga tipe virus ini termasuk dalam kelas Orthomyxoviridae yang dibedakan berdasarkan karakteristik protein pada protein (NP) dan matriks (M). Virus influenza tipe A menyebabkan infeksi pada unggas, mamalia, dan manusia. Virus influenza tipe B dan C diisolasi dari manusia dan umumnya bersifat kurang patogenik dibandingkan dengan virus influenza tipe A. Berdasarkan analisis filogenetik, virus influenza tipe A dan tipe B mempunyai hubungan yang lebih dekat dibandingkan dengan virus influenza tipe C. Genom virus influenza tipe A berupa RNA untai tunggal sepanjang kurang lebih 13.588 nukleotida yang tersusun dalam 8 segmen yang menyandi 10 macam protein. Kedelapan segmen tersebut adalah PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M (M1 dan M2) serta NS (NS1 dan NS2). Virus ini mempunyai amplop dengan lipid bilayer yang berasal dari hospes dan ditutupi dengan sekitar 500 tonjolan glikoprotein yang mempunyai aktivitas hemagglutinasi dan neuraminidase. Aktivitas ini diperankan oleh 2 glikoprotein utama pada permukaan virus yaitu hemagglutinin (HA) dan neuraminidase (NA) yang berada dalam bentuk homotrimer dan homotetramer. Analisis molekuler dan genetik pada VAI dapat diketahui adanya 16 macam HA dan 9 macam NA. Di antara VAI yang sering menimbulkan penyakit serius pada unggas terutama adalah yang mempunyai hemagglutinin H5, H7, dan kadang-kadang H9. Susunan asam amino protein HA, NA, serta protein NS dan PB2 ikut berperan dalam sifat virulensi, dan spesifitas virus terhadap hospes. Kemampuan VAI untuk melakukan mutasi dan reasosiasi genetik memungkinkan virus untuk berubah sifat antigeniknya, patogenisitasnya, serta spesifitas hospesnya<sup>[1]</sup>. Variasi pandemic pada virus AI dapat ditemukan dengan frekuensi tinggi dan terjadi melalui 2 cara, yaitu shift dan drift. Shift dapat timbul akibat gene reassortment (pertukaran atau pencampuran gen) yang terjadi pada 2 atau lebih virus influenza tipe A sehingga terjadi penyusunan kembali suatu galur virus baru yang bermanifestasi sebagai virus AI baru. Shift terjadi oleh adanya perubahan struktur yang bersifat dominan pada antigen permukaan H dan/atau N. Drift dapat terjadi oleh adanya perubahan struktur yang bersifat minor pada antigen permukaan H dan/atau N dan dapat ditemukan pada virus influenza tipe A dan B. Drift berlangsung lambat, tetapi progresif dan cenderung menimbulkan penyakit yang terbatas pada suatu kawasan. Mutasi pada materi genetik dapat menimbulkan perubahan polipeptida virus, yaitu sekitar 2–3 kali substitusi asam amino per tahun. Pengaturan kembali struktur genetik dari virus influenza pada unggas dan mamalia diperkirakan merupakan mekanisme timbulnya strain “baru” virus influenza pada manusia yang bersifat patogen<sup>[1]</sup>.

#### 4. Desain Struktur Sistem

Adapun desain struktur sistem adalah sebagaimana disajikan pada Gambar 1.

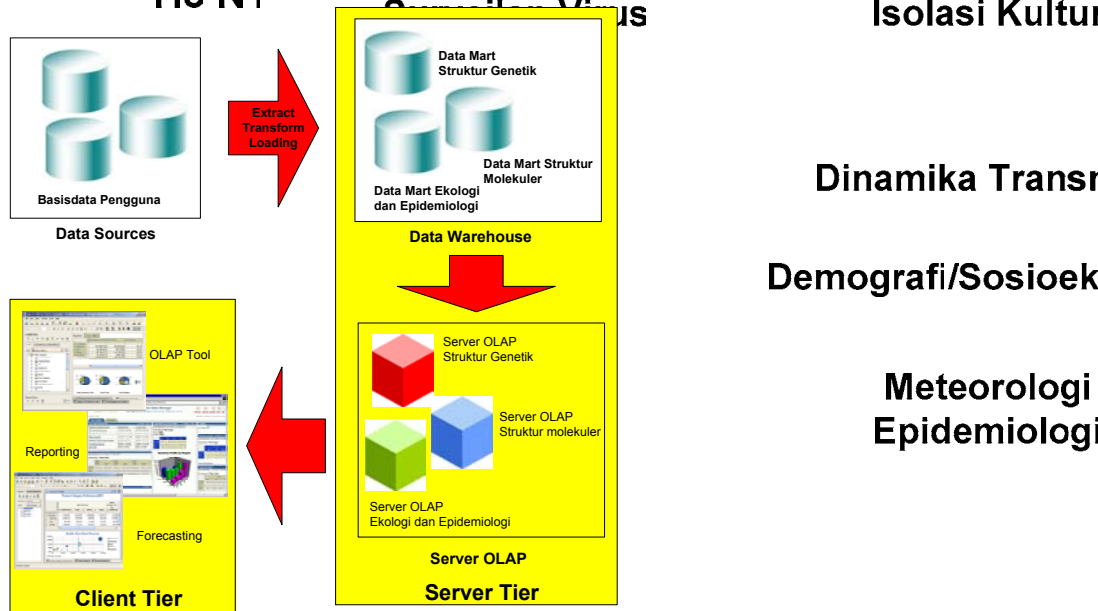


Gambar 1. Desain Struktur Sistem Surveilans Dinamika Genetik H5N1

Ditinjau dari data input yang diperlukan dalam sistem, terdapat lima klasifikasi data yaitu:

1. Data klinis yang memuat semua data terkait dengan diagnosa laboratorium, gejala klinis dan patogenesis yang muncul.
2. Data surveilan host yang memuat semua perilaku data terkait dengan virus pada populasi unggas dan mamalia.
3. Data surveilan virus yang memuat data dan analisis, tujuannya untuk melakukan diagnosis infeksi virus H5N1.
4. Data surveilan penyakit memuat data yang diperlukan untuk proses analisis dinamika transmisi penyakit serta kondisi demografi/sosioekonomi yang memungkinkan mekanisme tersebut terjadi.
5. Data parameter pendukung memuat semua data yang memungkinkan pandemik H5N1 terjadi pada suatu wilayah tertentu seperti kondisi meteorologis, infrastruktur, dan latar belakang sosial ekonomi masyarakat.

#### 5. Desain Struktur Data Warehouse



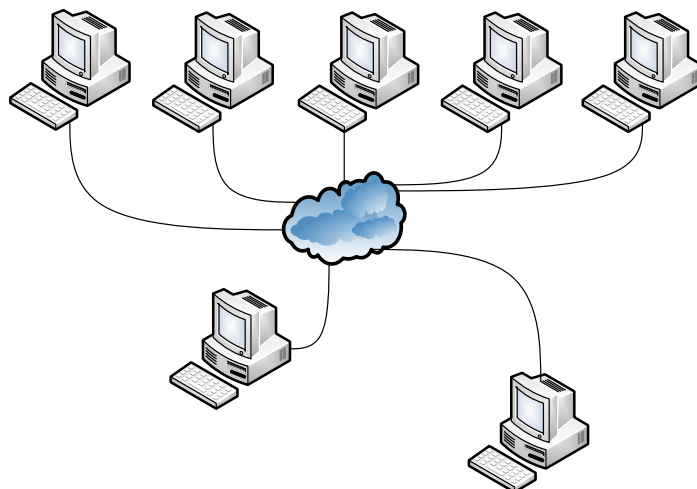
Gambar 2. Desain Struktur Data Warehouse

Basisdata warehouse dibangun untuk menampung masukan keseluruhan sumber data (*data source*) dari pengguna melalui proses ETL (*Extract, Transform* dan *Loading*). Basisdata warehouse terdiri dari sejumlah data mart, seperti data mart struktur genetik, struktur molekuler, dan epidemiologi. Data warehouse memerlukan server OLAP yang akan

digunakan untuk proses visualisasi melalui OLAP Tool, Reporting Tool atau Prediktif (*Forecasting*) seperti yang digambarkan pada Gambar 2.

### 6. Arsitektur Sistem

Data operasional bersumber dari basisdata yang bekerja dalam arsitektur terdistribusi. Basisdata ini berada di berbagai lokasi yang terpisah secara geografis, misalkan setiap node client mewakili satu server basisdata di Dinas Kesehatan Provinsi. Data dari setiap provinsi akan dikirim melalui jaringan internet dan diproses menggunakan mekanisme ETL dalam komputer server basisdata warehouse. Dalam server ini terdapat aplikasi OLAP yang berfungsi untuk memvisualisasikan informasi dalam bentuk grafis. Informasi grafis ini akan direlasikan dengan informasi spasial yang diambil dari server basisdata spasial (Gambar 3).



Gambar 3. Arsitektur Sistem  
 Node client 1 IP 192.168.0.2    Node client 2 IP 192.168.0.3    Node client 3 IP 192.168.0.4

### 7. Kesimpulan

Pandemik virus influenza type A khususnya H5N1 dapat dimodelkan menggunakan pendekatan matematis yang digunakan sebagai fungsi prediktif dalam framework aplikasi OLAP (*OnLine Analytics Processing*) dan kombinasi dengan basisdata spasial menjadi SOLAP (*Spatial OnLine Analytics Processing*). Pembangunan aplikasi surveilan dinamika genetik suatu penyakit berbasis data warehouse memungkinkan pengembangan aplikasi lebih kompleks, representasi informasi lebih bervariasi, dan pemanfaatan arsitektur komputasi terdistribusi sebagai sumber data operasional yang secara geografis terpisah.

### Daftar Pustaka

- [1] Asmara, W. (2007). *Peran Biologi Molekuler dalam Pengendalian Avian Influenza dan Flu Burung*. Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta.
- [2] Radji, M. (2006). *Avian Influenza A (H5N1): Patogenesis, Pencegahan dan Penyebaran pada Manusia*. Majalah Ilmu Kefarmasian, Vo. III, No.2, Agustus 2006, Departemen Farmasi, UI. Jakarta.
- [3] Rivest S, Y. Bedard, MJ. Proulx, dan M. Nadeau. (2003). *Solap: A New Type of User Interface to Support a Spatio Temporal Multidimensional Data Exploration and Analysis*, Centre for Research in Geomatics. 0744 Louis-Jacques-Casault Building, Laval University (Quebec). Canada.
- [4] Rivest S, Y. Bedard, MJ. Proulx, dan M. Nadeau. (2005). *Solap Technology: Merging Business Intelligence with Geospatial Technology for Interactive spatio-temporal exploration and analysis of data*, Centre for Research in Geomatics. 0744 Louis-Jacques-Casault Building, Laval University (Quebec). Canada.

**Komputer Server Data  
 Warehouse, Aplikasi OLAP,  
 dan Server Web**

Master Node Server aplikasi OLAP dan  
 Server Basisdata IP 192.168.0.1