|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | **Identifikasi Variasi Gen yang Bersifat *Missense/Nonsense* Pada Dermatomyositis Dengan Memanfaatkan Database Genomik Dan Bioinformatik** |  |  |
|  | **Lalu Muhammad Irham1,9\*, Anisa Nova Puspitaningrum1, Wirawan Adikusuma2,8, Eko Mugyanto3, Ageng Brahmadhi4, Gina Noor Djalilah5, Rahmat Dani Satria6,7, Firdayani8, Abdi Wira Septama Satria9** 1 Fakultas Farmasi Universitas Ahmad Dahlan, Yogyakarta2 Fakultas Ilmu Kesehatan Universitas Muhammadiyah Mataram3 Fakultas Ilmu Kesehatan, Departemen Farmasi Universitas Muhammadiyah Pekajangan Pekalongan4 Laboratorium Histologi, Fakultas Kedokteran Universitas Muhammadiyah Purwokerto5 Fakultas Kedokteran Muhammadiyah Surabaya, Surabaya6 Departemen patologi klinik dan kedokteran laboratorium, fakultas kesokteran, kesehatan masyarakat dan keperawatan, universitas gadjah mada, yogyakarta7 Instalasi laboratorium klinik, rumah sakit umum pusat Dr. Sardjito, Yogyakarta8 Pusat Riset Vaksin dan Obat, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Tangerang Selatan9 Pusat riset bahan baku obat dan obat tradisional, BRIN, Cibinong Science Center (CSC), Cibinong, Jawa Barat |  |  |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **Kata Kunci** : Dermatomyositis, autoimun, penyakit langka, variasi gen, snp, missense | **ABSTRAK**Dermatomyositis merupakan penyakit autoimun yang termasuk jenis idiopatik inflamasi miopati (IIM), penyakit ini dapat mempengaruhi kulit dan otot manusia. Gejala klinis Dermatomyositis pada sebagian besar pasien adalah kelemahan otot tubuh, ruam kulit dan kulit bersisik. Salah satu faktor penyebab Dermatomyositis yang sering dilaporkan adalah faktor genetik. Hingga kini, penelitian terkait Dermatomyositis masih terbatas pada identifikasi jenis variasi gen yang mempengaruhi, namun tidak melaporkan variasi gen mana yang paling berkontribusi pada Dermatomyositis khususnya yang bersifat missense/nonsense. Sehingga pada penelitian ini kami memanfaatkan database genomik dan analisis bioinformatik untuk mengidentifikasi variasi gen yang paling berhubungan dengan penyakit Dermatomyositis. Penelitian ini menggunakan beberapa database, termasuk GWAS catalog, PheWAS catalog, HaploReg (v41.), dan GTEx portal. Hasil dari penelitian ini ditemukan bahwa gen *ZBP1* berkaitan erat dengan penyakit Dermatomyositis dan menunjukkan ekpresi yang tinggi pada beberapa jaringan seperti paru-paru, lambung, esophagus, kulit, jantung dan otot. Variasi gen berdasarkan frekuensi varian alel (rs59626664, rs60542959, rs2066807, rs1048661, rs745400, rs2305480, rs2305479) terkait Dermatomyositis menunjukkan ekspresi jaringan tertinggi di kulit suprapubic, kulit dibawah lengan, otot rangka, dan esofagus. Penelitian ini menekankan bahwa integrasi database genomik dan analisis bioinformatik menunjukkan variasi gen yang berperan dalam patogenesis Dermatomyositis khususnya yang bersifat missense/nonsense. Kami menyarankan untuk peneliti selanjutnya untuk fokus pada variasi gen tersebut untuk divalidasi di fase klinis khusunya di populasi Indonesia. |  |  |

**Masuk** 16-08-2022

**Revisi** 20-02-2023

**Diterima** 23-02-2023

**DOI:** 10.20956/mff.v27i1.22185

**Korespondensi**

***Lalu Muhammad Irham***

*lalu.irham@pharm.uad.ac.id*

**Copyright**

© 2023 Majalah Farmasi Farmakologi Fakultas Farmasi · Makassar

*Diterbitkan tanggal*

*30 April 2023*

**Dapat Diakses Daring Pada:**

http://journal.unhas.ac.id/index.php/mff

**PENDAHULUAN**

Dermatomyositis merupakan penyakit langka yang menyebabkan gangguan inflamasi kronis otot dan kulit (Lin et al., 2014), penyakit tersebut diklasifikasikan sebagai salah satu Miopati Inflamasi Idiopatik (IIM) (Bendewald et al., 2010). Prevalensi dari dermatomyositis di dunia hingga hari ini belum diketahui secara pasti namun disinyalir kasus yang dilaporkan lebih banyak terjadi di Asia (Sontheimer, 2002). Dermatomyositis lebih rentan terjadi pada wanita dibandingkan dengan pria pada rentang usia 40-50 tahun (Bendewald et al., 2010). Gejala terjadinya dermatomyositis diawali dengan kelemahan otot, mialgia atau nyeri pada saat ditekan, munculnya ruam kemerahan pada heliotrope disekitar mata, telangiectasias periungual, dan kutikula distrofik (Lin et al., 2014).

Etiologi Dermatomyositis diperkirakan melibatkan pengaruh genetik dan lingkungan. Faktor genetik menunjukkan bahwa pasien dengan jenis antigen Human Leukosit (HLA) memiliki risiko lebih tinggi terkena Dermatomyositis (O’Hanlon et al., 2005 dan Deakin, C. T et al.,2022). Sedangkan faktor lingkungan dipengaruhi oleh adanya infeksi dan penggunaan obat-obatan. Infeksi virus seperti coxsackie B, enterovirus dan parvovirus diduga berkaitan dengan dermatomyositis melalui induksi autoimunitas (Lener, 2016). Penggunaan obat-obatan seperti antineoplastic (hidroxiurea, siklofosfamid), agen anti infeksi (penisilin, sulfonamid, isoniazid), dan obat antiinflamasi non steroid dapat memicu terjadinya Dermatomyositis (Dourmishev & Dourmishev, 1999).

Kejadian Dermatomyositis karena faktor genetik sangat perlu diidentifikasi sehingga peran variasi gen dapat diketahui secara pasti. Salah satu database genomik yang menyediakan informasi variasi genetik pada berbagai macam penyakit termasuk dermatomyositis adalah Genome Wide

Association Studies (GWAS). Melalui database GWAS ini didapatkan Single Nucleotide Polymorphism (SNP) yang dapat dimanfaatkan untuk berbagai macam tujuan termasuk untuk biomarker diagnostic, prognostik dan prediksi target obat pada suatu penyakit (Burbelo et al., 2014), (Bush & Moore, 2012). Pengumpulan variasi gen dari database GWAS catalog sangat bermanfaat untuk mengidentifikasi jenis SNP yang berperan dalam penyakit Dermatomyositis. Identifikasi genetika manusia bertujuan untuk mengidentifikasi faktor risiko genetik yang diwariskan seperti Dermatomyositis sehingga nantinya dapat dimanfaatkan untuk biomarker penegakan diagnosis pada penyakit Dermatomyositis.

Penelitian ini bertujuan untuk memetakan gen terkait Dermatomyositis dengan menggunakan variasi SNP dan selanjutnya memprioritaskan jaringan yang dipengaruhi Dermatomyositis. Sehingga pada akhir penelitian ini dapat disimpulkan jenis variasi gen yang berpotensi kuat menyebabkan Dermatomyositis dan mengidentifikasi ekspresi gen pada jaringan tubuh yang dipengaruhi oleh Dermatomyositis

**METODE PENELITIAN**

Penelitian bertujuan untuk mengidentifikasi variasi gen yang potensial menyebabkan Dermatomyositis. Pendekatan bioinformatika dilakukan dengan menggunakan genomik database, termasuk mengintegrasikan GWAS, PheWAS, HaploReg (v4.1) dan GTEx database. Analisis database terintegrasi untuk mengetahui jaringan tubuh yang dipengaruhi oleh gen-gen yang berperan dalam Dermatomyositis ditunjukkan pada Gambar 1. SNP yang terkait dengan Dermatomyositis diperoleh dari database GWAS Catalog dan PheWAS Catalog. GWAS catalog merupakan database yang didirikan oleh National Human Genome Research Institute (NHGRI) pada tahun 2008, menampung 5897 jenis studi genetik dengan 38266 asosiasi suatu gen dengan penyakit (www.ebi.ac.uk/gwas, diakses 20 Juli 2022). GWAS catalog merupakan metode molekuler yang menyaring ribuan DNA untuk menentukan lokus terkait fenotip tertentu. Hasil dari pencarian dengan GWAS catalog adalah SNP yang sesuai dengan alelle polimorfik pada genom dari kelompok manusia sebagai penanda yang dimanfaatkan untuk memprediksi suatu gangguan penyakit (Burbelo et al., 2014). Kriteria inklusi GWAS catalog yang digunakan pada penelitian ini adalah SNP yang memiliki *p-value* <10-8 (Fadista et al., 2016).

|  |
| --- |
| **Gambar 1.** Model skema ini menunjukkan bahwa informasi berbasisi genom dapat diintegrasikan dengan berbagai macam genomic database untuk memprioritaskan jenis variasi gen yang berpengaruh pada Dermatomyositis [Nomor copyright License; GU2513EAY2]. |
|  |

Database kedua yang digunakan pada penelitian adalah database Phenome-Wide Association Studies atau PheWAS. Database PheWAS digunakan untuk mempelajari hubungan antara SNP dan fenotip, metode ini merupakan metode pelengkap untuk GWAS yang menghubungkan antara variasi gen dengan suatu fenotip (Pendergrass et al., 2012). PheWAS catalog menampung 3144 SNP terkait penyakit tertentu (https://phewascatalog.org/, diakses 20 Juli 2022). Kriteria inklusi PheWAS catalog yang digunakan pada tahap ini adalah variasi gen yang memiliki *p-value* <0,05. Setelah kami mengidentifikasi jenis variasi gen yang signifikan berdasarkan threshold tersebut, analisis dilanjutkan menggunakan database genomik HaploReg (v4.1). Dengan menggunakan database tersebut dapat diidentifikasi secara spesifik sifat dari masing-masing varian yang kaitannya dengan dermatomyositis. Sifat SNP yang diprioritaskan dalam tahap ini yaitu variasi gen yang memiliki sifat mutasi missense dan nonsense. Variasi gen yang mengkode gen dengan sifat missense dan nonsense akan diprioritaskan ke tahap identifikasi selanjutnya (Ward & Kellis, 2016). Mutasi missense merupakan perubahan yang terjadi dari satu asam amino tunggal dan mengubah fungsi protein yang dihasilkan yang berhubungan dengan penyakit tertentu, sedangkan mutasi nonsense adalah perubahan kodon asam amino tertentu menjadi kodon stop (UAG, UGA dan UAA), yang mengakhiri rantai, mengakibatkan berakhirnya pembentukan protein sebelum waktunya selama translasi https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560519/ (Zhang et al., 2012). Tahap selanjutnya adalah mengidentifikasi ekspresi gen yang dipengaruhi oleh SNP yang sifatnya missense dan nonsense mutasi tersebut. Kami mengevaluasi varian genetik dan profil ekspresi gen tersebut dengan analisis Expression Quantitative Trait Locus (eQTL) Dermatomyositis menggunakan database GTEx http://www.gtexportal.org/home/. GTEx digunakan untuk mengidentifikasi ekspresi gen yang dipengaruhi oleh variasi gen di beberapa jaringan manusia (The GTEx Consortium, 2013).

**HASIL**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Tabel 1.** Data SNP dari GWAS catalog dan PheWAS Catalog

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **SNPs** | ***p-value*** | **OR** | **SNPs** | ***p-value*** | **OR** |
| rs9871760 | 0.00012 | 2.798 | rs342275 | 0.00626 | 2.107 |
| rs1207421 | 0.00061 | 2.901 | rs947211 | 0.00634 | 2.092 |
| rs10865331 | 0.00086 | 2.471 | rs16889440 | 0.00791 | 2.253 |
| rs2066808 | 0.00136 | 2.957 | rs7085433 | 0.00796 | 2.298 |
| rs893817 | 0.00158 | 2.080 | rs2252586 | 0.00816 | 02.03 |
| rs3743266 | 0.00197 | 1.992 | rs10968576 | 0.00838 | 2.556 |
| rs10488031 | 0.00242 | 2.912 | rs4975616 | 0.00839 | 2.028 |
| rs3106598 | 0.00247 | 2.804 | rs7770731 | 0.00857 | 1.462 |
| rs3813948 | 0.00280 | 2.834 | rs391300 | 0.00962 | 1.975 |
| rs10034228 | 0.00341 | 2.162 | rs9976767 | 0.00963 | 3.230 |
| rs11107116 | 0.00395 | 2.176 | rs1530057 | 0.01004 | 2.673 |
| rs809736 | 0.00398 | 2.165 | rs3788013 | 0.01024 | 3.197 |
| rs3825199 | 0.00411 | 2.167 | rs824931 | 0.01044 | 1.947 |
| rs1411478 | 0.00445 | 0.284 | rs10738760 | 0.01056 | 2.019 |
| rs1127065 | 0.00457 | 2.141 | rs3007729 | 0.01099 | 2.957 |
| rs260461 | 0.00467 | 2.240 | rs11265260 | 0.01117 | 2.656 |
| rs704454 | 0.00547 | 2.105 | rs1378942 | 0.01217 | 1.942 |
| rs783540 | 0.00548 | 2.089 | rs2200733 | 0.01231 | 2.217 |
| rs494620 | 0.00583 | 2.913 | rs2912522 | 0.01237 | 2.366 |
| rs2150702 | 0.00586 | 3.179 | rs7698623 | 0.01245 | 2.598 |
| rs6879627 | 0.01353 | 2.046 | rs1024889 | 0.01512 | 1.892 |
| rs4790333 | 0.01387 | 3.418 | **rs3129843\*** | 2,00E-48 | 2.180 |
| rs864537 | 0.01439 | 3.2743 | **rs7750458\*** | 1,00E-09 | 2.050 |
| rs2472299 | 0.01461 | 1.912 | **rs7919656\*** | 2,00E-08 | 0.185 |
| rs2073145 | 0.01472 | 1.905 |  |  |  |

SNPs: *Single Nucleotide Polymorphism*., OR: *Odds Ratio*. \* Data berasal dari GWAS Catalog https://www.ebi.ac.uk/gwas/ |
|  |

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi variasi gen yang paling berpotensial menyebabkan Dermatomyositis dengan mengintegrasikan beberapa database genomic. Kami mengambil SNP terkait dengan Dermatomyositis dari database GWAS catalog dan PheWAS catalog. Total tiga SNPs ditemukan dari database GWAS dengan kriteria *p-value* <10-8 dan empat puluh enam SNPs yang ditemukan dari database PheWAS dengan kriteria *p-value* < 0,05 (Tabel 1), kemudian jumlah SNP diperluas menggunakan HaploReg (v4.1), dan menghasilkan delapan gen terkait dermatomyositis (Tabel 2).

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Tabel 2.** Penemuan missense dari database GWAS dan PheWAS dengan menggunakan HaploReg (v4.1)

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Varian risiko allele** | **Variants risiko alel yang berdekatan r2 >=0,8** | ***p-value*** | ***Odds ratio*** | ***Gencode*** | **Lokasi *allele*** |
| rs2066808 | [rs59626664](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs59626664) | 0.001368 | 2.95 | *ANKRD52* | *Missense* |
|  | [rs60542959](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs60542959) |  |  | *COQ10A* | *Missense* |
|  | [rs2066807](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs2066807) |  |  | *STAT2* | *Missense* |
| rs893817 | [rs1048661](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs1048661) | 0.001587 | 2,08 | *RP11-941F15.1* | *Missense* |
| rs4790333 | [rs745400](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs745400) | 0.01387 | 3,41 | *SGSM2* | *Missense* |
|  | [rs2248821](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs2248821) |  |  | *SGSM2* | *Missense* |
| rs2073145 | [rs2073145](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs2073145) | 0.01472 | 1.90 | *ZBP1* | *Missense* |
| rs1008723 | [rs11557467](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs11557467) | 9,00E-06 | 1.21 | *ZPBP2* | *Missense* |
|  | [rs2305480](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs2305480) |  |  | *GSDMB* | *Missense* |
|  | [rs2305479](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs2305479) |  |  | *GSDMB* | *Missense* |
| rs7572733 | [rs1064213](https://pubs.broadinstitute.org/mammals/haploreg/detail_v4.1.php?query=&id=rs1064213) | 6,00E-06 | 1.25 | *PLCL1* | *Missense* |

SNPs: *Single Nucleotide Polymorphism*., OR: *Odds Ratio*. \* Data berasal dari GWAS Catalog https://www.ebi.ac.uk/gwas/ |
|  |

**Ekspresi gen Dermatomyositis di berbagai jaringan**

|  |
| --- |
| **Gambar 2.** Model skema ini menunjukkan bahwa informasi berbasisi genom dapat diintegrasikan dengan berbagai macam genomic database untuk memprioritaskan jenis variasi gen yang berpengaruh pada Dermatomyositis [Nomor copyright License; GU2513EAY2]. |
|  |

Untuk mengevaluasi ekspresi variasi gen dermatomyositis dalam jaringan manusia, maka kami memanfaatkan eQTL melalui database portal GTEx (http://www.gtexportal.org/home/), yang berisi tingkatan ekspresi gen dalam berbagai jaringan. Dari database HaploReg (v4.1) ditemukan delapan gen yang berkaitan dengan Dermatomyositis (*ANKRD52, COQ10A, STAT2, SGSM2, ZBP1, ZPBP2, GSDMB, PLCL1*) dan menunjukkan sifat mutasi jenis missense (Gambar 2 dan Tabel 2). Dari hasil identifikasi gen tersebut di dalam jaringan, kami menemukan bahwa gen *ZBP1* banyak terekspresi di berapa jaringan termasuk jaringan paru-paru, lambung, esophagus, kulit, jantung dan otot (Gambar 2). Hal yang menarik dari hasil temuan ini adalah, pasien Dermatomyositis sering mengalami keluhan pada kulit dan otot. Ternyata, hasil identifikasi lanjutan menunjukkan bahwa gen *ZBP1* tersebut juga memiliki ekspresi yang tinggi di kulit dan otot.

**Hubungan antara ekspresi gen dan eQTL**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Tabel 3.** Allel frekuensi pada SNPs Dermatomyositosis

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **ID SNPs** | ***Gene symbol*** | ***p-value*** | ***Effect Size*** | **Jaringan** | **Tindakan** |
| [rs59626664](https://gtexportal.org/home/snp/rs59626664) | *CNPY2* | 6.3e-8 | 00.24 | *Skin - Sun Exposed (Lower leg)* | CC>CG>GG |
| *IL23A* | 0.000062 | 00.36 | *Muscle - Skeletal* | CC>CG>GG |
| rs60542959 | *CNPY2* | 0.0000045 | 00.25 | *Skin - Not Sun Exposed (Suprapubic)* | GG>GT>TT |
| rs2066807 | *IL23A* | 0.000092 | 00.36 | *Muscle - Skeletal* | CC>CG>GG |
| *CNPY2* | 0.0000045 | 00.25 | *Skin - Not Sun Exposed (Suprapubic)* | CC>CG>GG |
| *SUOX* | 0.000026 | 00.23 | *Skin - Sun Exposed (Lower leg)* | CC>CG>GG |
| rs1048661 | *LOXL1-AS1* | 0.000018 | 00.15 | *Skin - Not Sun Exposed (Suprapubic)* | GG>GT>TT |
| rs745400 | *METTL16* | 2.3e-7 | 00.15 | *Muscle - Skeletal* | CC>CG>GG |
| *MNT* | 0.0000047 | -0.11 | *Skin - Not Sun Exposed (Suprapubic)* | CC>CG>GG |
| rs2305480 | *PGAP3* | 1.4e-7 | 00.31 | *Skin - Not Sun Exposed (Suprapubic)* | GG>GA>AA |
| *RP11-387H17.4* | 0.000011 | 00.19 | *Muscle - Skeletal* | GG>GA>AA |
| *TCAP* | 0.000055 | -0.065 | *Muscle - Skeletal* | GG>GA>AA |
| rs2305479 | *AC087491.2* | 0.000015 | 00.21 | *Skin - Not Sun Exposed (Suprapubic)* | CC>CT>TT |
| *GSDMA* | 0.000035 | 0.057 | *Skin - Sun Exposed (Lower leg)* | CC>CT>TT |
| *GSDMA* | 1.3e-11 | 00.34 | *Muscle - Skeletal* | CC>CT>TT |

Keterangan: Expression Quantitative trait loci (eQTL) dianalisis melalui GTex portal database https://gtexportal.org/home. |
|  |

Selanjutnya untuk mengidentifikasi eQTL yang terkait dengan ekspresi gen Dermatomyositis, digunakan database GTEx. Kami telah mengidentifikasi allele minor terkait dengan penyakit dermatomyositis seperti tersaji pada Tabel 2. Uniknya dari beberapa jenis SNP yang kami temukan memiliki ekspresi tinggi pada jaringan kulit yaitu rs59626664, rs60542959, rs2066807, rs1048661, rs745400, rs2305480 dan rs2305479. Genotipe jenis CC dari rs59626664 berkaitan dengan ekspresi yang lebih tinggi di kulit dan otot rangka dibandingkan dengan genotipe jenis CG dan GG. Pada rs60542959 genotipe GG berkaitan dengan ekspresi yang lebih tinggi di kulit suprapubic dibandingkan dengan genotipe GT dan TT. Selanjutnya genotipe CC dari rs2066807 berkaitan dengan ekspresi yang lebih tinggi di kulit suprabubic, kulit dibawah lengan, dan otot rangka dibandingkan dengan genotipe CG dan GG. Genotipe GG dari rs1048661 berkaitan dengan ekspresi yang lebih tinggi di kulit suprapubic dan kulit bawah lengan dibandingkan dengan genotipe GT dan TT. rs745400 memiliki genotipe CC berkaitan dengan ekspresi yang lebih tinggi kulit suprapubic, dan otot rangka dibandingkan dengan genotipe CG dan GG. Genotipe GG dari rs2305480 dikaitkan dengan ekspresi yang lebih tinggi di jaringan kulit suprapubic, kulit dibawah lengan, dan otot rangka dibandingkan dengan genotipe GA dan AA. Kemudian, genotipe CC dari rs2305479 berkaitan dengan ekspresi yang lebih tinggi di jaringan kulit suprapubic, kulit dibawah lengan dan di otot rangka, dibandingkan dengan genotipe CT dan TT (Tabel 3). Dari hasil penelitian menunjukkan bahwa database genomik dapat dimanfaatkan untuk identifikasi variasi gen yang paling potensial dalam pathogenesis Dermatomyositis.

**PEMBAHASAN**

Dermatomyositis merupakan penyakit autoimun langka yang termasuk kedalam salah satu IIM, terutama mempengaruhi kulit dan otot pada manusia (Okogbaa & Batiste, 2019). Dermatomyositis merupakan penyakit yang berkaitan

dengan faktor genetik. Pada penelitian ini, kami memanfaatkan database GWAS dan PheWAS catalog untuk mengidentifikasi variasi gen yang berhubungan dengan Dermatomyositis. Dalam penelitian ini ditemukan gen *ZBP1* memiliki ekspresi pada jaringan yang mempengaruhi Dermatomyositis. Uniknya sifat dari gen *ZBP1* yaitu mutasi jenis missense yang dapat mempengaruhi terhadap perubahan protein (Takaoka *et al.,* 2007). Berdasarkan penelitian sebelumnya menyebutkan bahwa gen *ZBP1* mempengaruhi terjadinya peradangan dan merupakan faktor penyebab terjadinya berbagai proses penyakit (Takaoka *et al.,* 2016). Menariknya dari penelitian oleh Takaoka *et al.,* juga melaporkan bahwa gen *ZBP1* merupakan ligan DNA double-strain yang memiliki hubungan dengan penyakit autoimun, berhubungan secara signifikan dengan peradangan (Takaoka *et al.,* 2007). Autoimun merupakan penyakit yang ditandai dengan peradangan berulang, perubahan pada respon imun tubuh, dan produksi autoantibodi spesifik (Ciccacci *et al.,* 2019).

Penyakit autoimun memiliki beberapa ciri klinis khusus dan beberapa lokus yang berisiko terhadap kerentanan penyakit, salah satunya adalah Dermatomyositis. Dari hasil pencarian yang telah kami temukan dengan menggunakan database GWAS catalog, ditemukan 3 SNP terkait dengan penyakit dermatomyositis. Sedangkan di PheWAS catalog ditemukan 46 SNP terkait dermatomyositis dengan kriteria inklusi <0,05. Dari variasi gen tersebut didapatkan bahwa SNP yang memiliki sifat missense tersebut mengkode gen *ZBP1* yang berpengaruh terhadap kejadian peradangan (Takaoka *et al.,* 2007).

Dalam penelitian ini, kami menemukan beberapa jenis variasi gen rs59626664, rs60542959, rs2066807, rs1048661, rs745400, rs2305480, dan rs2305479. Menurut penelitian yang dilakukan oleh Huang (2012) dengan melibatkan 211 orang sehat dan 167 pasien Systemic lupus erythematosus (SLE) pada populasi Taiwan menunjukkan bahwa rs2066807 berkaitan dengan penyakit autoimun (Huang et al., 2012). Sedangkan rs1048661 berkaitan dengan peningkatan risiko Age-related Macular Degeneration (AMD) pada populasi wanita Cina. rs1048661 menyebabkan terjadinya gangguan penglihatan hingga hilangnya penglihatan parah pada orang tua (Chen et al., 2020). Pada penelitian yang dilakukan oleh (Moffatt et al., 2010), dengan mengumpulkan genotipe 10.365 orang dengan asma yang didiagnosis dokter dan 16.110 orang yang tidak terpengaruh asma karena keturunan, menunjukkan bahwa rs2305480 dikaitkan dengan kerentanan terhadap asma yang dipengaruhi oleh gen. rs2305480 diketahui berhubungan dengan risiko terjadinya asma pada usia anak-anak (Moffatt et al., 2010). Kemudian, pada penelitian menyatakan bahwa rs2305479 berkaitan dengan peningkatan kerentanan asam dan Inflammatory bowel disease (IBD) (Chao, Kulakova, & Herzberg, 2017).

Secara keseluruhan, frekuensi alelle varian terkait Dermatomyositis menunjukkan ekspresi jaringan tertinggi di kulit suprapubic, kulit dibawah lengan, otot rangka, dan esofagus. Hal ini berkaitan dengan gejala klinis Dermatomyositis yang sebagian besar terjadi pada pasien adalah kelemahan otot tubuh, ruam dan sisik pada kulit. Namun, pada beberapa kasus yang parah pasien mengalami disfagia, difonia dan dispenia karena melemahnya otot esofagus dan pernapasan (Okogbaa & Batiste, 2019). Identifikasi variasi gen yang unik dan bersifat pathogenic untuk suatu penyait sangat menarik untuk diteliti dan divalidasi di klinis. Identifikasi Varian tersebut tidak hanya dapat memberikan petunjuk terhadap kerentanan penyakit atau sebagai biomarker diagnostic dan prognostic (L.M Irham et al 2022) tetapi juga dapat digunakan untuk penemuan kandidat target obat atau dikenal dengan istilah drug repurposing (genomic driven drug repurposing) (L.M Irham et al 2020) (A.R. Afief et al.,2022). Peneliti berharap penemuan kandidat variasi gen yang ditemukan ini dapat divalidasi di klinis dan dapat menjadi biomarker diagnositik maupun prognostic untuk penyakti dermatomysositis.

Penulis menyadari bahwa variasi gen yang ditemukan bersifat pathogenic pada penelitian ini masih bersifat preliminary studi dengan pemanfaatan database genomik dan bioinformatika. Namun hasil ini juga menjadi informasi penting bagi peneliti selanjutnya yang ingin memvalidasi variasi gen tersebut pada pasien dermatomyositis. penulis menyarankan untuk penelitian selanjutnya untuk lebih mempertimbangkan penambahan functional annotation untuk memprioritaskan variasi gen yang lebih bersifat pathogenic.

**KESIMPULAN**

Kami telah mengidentifikasi beberapa varian SNPs seperti rs59626664, rs60542959, rs2066807, rs1048661, rs745400, rs2305480, dan rs2305479 yang berpengaruh pada dermatomyositis. Varian SNPs tersebut menunjukkan ekspresi tertinggi di jaringan yang memiliki kerentanan dermatomyositis pada suatu individu. Jaringan tersebut antara lain, jaringan kulit suprapubic, kulit dibawah lengan, otot rangka, dan esofagus. Dengan demikian, frekuensi allele dari setiap varian dapat menjadi pertimbangan penting ketika memprediksi jaringan tubuh manusia yang dipengaruhi penyakit Dermatomyositis. Berdasarkan hasil ini, penelitian di masa depan dapat memeriksa varian SNP ini pada pasien Dermatomyositis dan memvalidasinya di klinis.

**UCAPAN TERIMAKASIIH**

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Riset Muhammadiyah (RisetMu) Batch VI 2022 Majelis DIKTI-LITBANG PP Muhammadiyah & Universitas Ahmad Dahlan (No: 1687.086/PMI/I.3/D/2022).

**DAFTAR PUSTAKA**

1. A.R. Afief, L.M. Irham, W. Adikusuma, D.A. Perwitasari, A. Brahmadhi, R. Cheung. Integration of genomic variants and bioinformatic-based approach to drive drug repurposing for multiple sclerosis. Biochem.Biophys.Rep., 32 (2022), Article 101337, 10.1016/j.bbrep.2022.101337
2. Bendewald, M. J., Wetter, D. A., Li, X., & Davis, M. D. P. (2010). Incidence of dermatomyositis and clinically amyopathic dermatomyositis: A population-based study in Olmsted County, Minnesota. Archives of Dermatology, 146(1), 26–30. https://doi.org/10.1001/archdermatol.2009.328
3. Burbelo, P. D., Ambatipudi, K., & Alevizos, I. (2014). Genome-wide association studies in Sjögren’s syndrome: What do the genes tell us about disease pathogenesis? Autoimmunity Reviews, 13(7), 756–761. https://doi.org/10.1016/j.autrev.2014.02.002
4. Bush, W. S., & Moore, J. H. (2012). Chapter 11: Genome-Wide Association Studies. PLoS Computational Biology, 8(12). https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002822
5. Ciccacci, C., Latini, A., Perricone, C., Conigliaro, P., Colafrancesco, S., Ceccarelli, F., Priori, R., Conti, F., Perricone, R., Novelli, G., & Borgiani, P. (2019). TNFAIP3 gene polymorphisms in three common autoimmune diseases: Systemic lupus erythematosus, rheumatoid arthritis, and primary sjogren syndrome - association with disease susceptibility and clinical phenotypes in Italian patients. Journal of Immunology Research, 2019. https://doi.org/10.1155/2019/6728694
6. Chao, K. L., Kulakova, L., & Herzberg, O. (2017). Gene polymorphism linked to increased asthma and IBD risk alters gasdermin-B structure, a sulfatide and phosphoinositide binding protein. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 114(7), E1128–E1137. https://doi.org/10.1073/pnas.1616783114
7. Dourmishev, A. L., & Dourmishev, L. A. (1999). Dermatomyositis and drugs. Advances in Experimental Medicine and Biology, 455, 187–191. https://doi.org/10.1007/978-1-4615-4857-7\_27
8. Deakin, C. T., Bowes, J., Rider, L. G., Miller, F. W., Pachman, L. M., Sanner, H., . . . the Myositis Genetics, C. (2022). Association with HLA-DRβ1 position 37 distinguishes juvenile dermatomyositis from adult-onset myositis. Human Molecular Genetics, 31(14), 2471-2481. doi:10.1093/hmg/ddac019
9. Fadista, J., Manning, A. K., Florez, J. C., & Groop, L. (2016). The (in)famous GWAS *P-value* threshold revisited and updated for low-frequency variants. European Journal of Human Genetics, 24(8), 1202–1205. https://doi.org/10.1038/ejhg.2015.269
10. Huang, C. M., Huang, P. H., Chen, C. L., Lin, Y. J., Tsai, C. H., Huang, W. L., & Tsai, F. J. (2012). Association of toll-like receptor 9 gene polymorphism in Chinese patients with systemic lupus erythematosus in Taiwan. Rheumatology International, 32(7), 2105–2109. https://doi.org/10.1007/s00296-011-1925-8
11. Lener, M. S. (2016). Triggers of Inflammatory Myopathy: Insights into Pathogenesis. Physiology & Behavior, 176(1), 139–148.
12. Lin, F. R., Niparko, J. K., & Ferrucci, and L. (2014). Dermatomyosititis. Bone, 23(1), 1–7. https://doi.org/10.1159/000131751.Dermatomyositis
13. L.M. Irham, W. Adikusuma, D.A. Perwitasari, H. Dania, R. Maliza, I.N. Faridah, I.N. Santri, Y.V.A. Phiri, R. Cheung. The use of genomic variants to drive drug repurposing for chronic hepatitis B. Biochem.Biophys.Rep., 31 (2022), Article 101307, 10.1016/j.bbrep.2022.101307
14. L.M. Irham, H.S.-C. Wong, W.-H. Chou, W. Adikusuma, E. Mugiyanto, W.-C. Huang, W.-C. Chang. Integration of genetic variants and gene network for drug repurposing in colorectal cancer. Pharmacol. Res., 161 (2020), Article 105203, 10.1016/j.phrs.2020.105203
15. L.M. Irham, W. Adikusuma, D.A. Perwitasari. Genomic variants-driven drug repurposing for tuberculosis by utilizing the established bioinformatic-based approach. Biochem.Biophys.Rep., 32 (2022), Article 101334, 10.1016/j.bbrep.2022.101334
16. Moffatt, M. F., Gut, I. G., Demenais, F., Strachan, D. P., Bouzigon, E., Heath, S., … Cookson, W. O. C. M. (2010). A Large-Scale, Consortium-Based Genomewide Association Study of Asthma. New England Journal of Medicine, 363(13), 1211–1221. https://doi.org/10.1056/nejmoa0906312
17. O’Hanlon, T. P., Carrick, D. M., Arnett, F. C., Reveille, J. D., Carrington, M., Gao, X., Oddis, C. V., Morel, P. A., Malley, J. D., Malley, K., Dreyfuss, J., Shamim, E. A., Rider, L. G., Chanock, S. J., Foster, C. B., Bunch, T., Plotz, P. H., Love, L. A., & Miller, F. W. (2005). Immunogenetic risk and protective factors for the idiopathic inflammatory myopathies: Distinct HLA-A, -B, -Cw, -DRB1 and -DQA1 allelic profiles and motifs define clinicopathologic groups in Caucasians. Medicine, 84(6), 338–349. https://doi.org/10.1097/01.md.0000189818.63141.8c
18. Okogbaa, J., & Batiste, L. (2019). Dermatomyositis: An Acute Flare and Current Treatments. Clinical Medicine Insights: Case Reports, 12. https://doi.org/10.1177/1179547619855370
19. Pendergrass, S. A., Dudek, S. M., Crawford, D. C., & Ritchie, M. D. (2012). Visually integrating and exploring high throughput Phenome-Wide Association Study (PheWAS) results using PheWAS-View. BioData Mining, 5(1), 1. https://doi.org/10.1186/1756-0381-5-5
20. Sontheimer, R. D. (2002). Dermatomyositis: An overview of recent progress with emphasis on dermatologic aspects. Dermatologic Clinics, 20(3), 387–408. https://doi.org/10.1016/S0733-8635(02)00021-9
21. Takaoka, A., Wang, Z., Choi, M. K., Yanai, H., Negishi, H., Ban, T., Lu, Y., Miyagishi, M., Kodama, T., Honda, K., Ohba, Y., & Taniguchi, T. (2007). DAI (DLM-1/*ZBP1*) is a cytosolic DNA sensor and an activator of innate immune response. Nature, 448(7152), 501–505. https://doi.org/10.1038/nature06013
22. Takaoka, A., Wang, Z., Choi, M. K., Yanai, H., Negishi, H., Ban, T., Lu, Y., Miyagishi, M., Kodama, T., Honda, K., Ohba, Y., & Taniguchi, T. (2016). *ZBP1*/DAI is an innate sensor of influenza virus triggering the NLRP3 inflammasome and programmed cell death pathways. Physiology & Behavior, 176(3), 139–148. https://doi.org/10.1126/sciimmunol.aag2045.*ZBP1*/DAI
23. The GTEx Consortium. (2013). The Genotype-Tissue Expression (GTEx) project The GTEx Consortium\* Abstract. Database: National Center for Biomedical Information, 45(6), 580–585. https://doi.org/10.1038/ng.2653.The
24. Ward, L. D., & Kellis, M. (2016). HaploReg v4: Systematic mining of putative causal variants, cell types, regulators and target genes for human complex traits and disease. Nucleic Acids Research, 44(D1), D877–D881. https://doi.org/10.1093/nar/gkv1340
25. Zhang, Z., Miteva, M. A., Wang, L., & Alexov, E. (2012). Analyzing effects of naturally occurring missense mutations. Computational and Mathematical Methods in Medicine, 2012. https://doi.org/10.1155/2012/805827

**Sitasi artikel ini:** Lalu Muhammad Irham, Anisa Nova Puspitaningrum, Wirawan Adikusuma, Eko Mugyanto, Ageng Brahmadhi, Gina Noor Djalilah, Rahmat Dani Satria, Firdayani, Abdi Wira Septama Satria. Identifikasi Variasi Gen yang Bersifat Missense/Nonsense Pada Dermatomyositis Dengan Memanfaatkan Database Genomik Dan Bioinformatik *MFF* 2023;27(1):5-9