

## **Analisis Nukleotida dan Homologi Sekuens Fragmen Gen p72 (B646L) Virus *African Swine Fever Virus* (ASF) Asal Kota Kupang**

*(Nucleotide and Homology Analysis of the p72 Gene Fragment of African Swine  
Fever Virus (ASFV) from Kupang City)*

**Maxs U. E. Sanam, Maria Aega Gelolodo\*, Larry R. W. Toha**

Laboratorium Ilmu Penyakit Hewan dan Kesehatan Masyarakat Veteriner,  
Fakultas Kedokteran dan Kedokteran Hewan, Universitas Nusa Cendana, Kupang

\*Korespondensi Email : gelolodo.m@staf.undana.ac.id

### **ABSTRACT**

*African Swine Fever (ASF) is an important infectious disease in pigs caused by African Swine Fever Virus (ASFV). Despite not being zoonotic, this disease has the potential to severely affect the socioeconomic conditions in the impacted regions. The majority of pig farmers in Indonesia, particularly those in Kupang City, that raise pigs in backyards or on a small scale, experience the impact of ASF's effects. Early in 2020, the ASF cases were confirmed in Timor Island, including the Kupang City area in Nusa Tenggara Timur (NTT) Province. The molecular information on ASFV in this area is still limited. In order to determine the homology and nucleotide analysis using BLAST NCBI, the ASFV p72 (B646L) gene fragment sequence from Kupang City was compared to ASFV p72 (B646L) gene segments from other parts of Indonesia and several other Asian countries. The results of nucleotide analysis and sequence homology of the original ASFV p72 (B646L) gene fragment from Kupang City showed a high level of homology to the ASFV p72 (B646L) gene fragment from West Java, North Sumatra, and several Asian countries. The findings from this study indicate that the source of ASF viral transmission across different regions may be comparable. Therefore, to prevent the dissemination of ASF, strict biosecurity measures must be implemented along with monitoring of animal and product transportation.*

**Keywords :** *African Swine Fever; ASF; Kupang; Pig; Timor; Virus*

### **PENDAHULUAN**

*African Swine Fever* (ASF) adalah penyakit virus penting yang menyerang babi pada semua rentang usia (Beltrán-Alcrudo, Arias, Gallardo, Kramer, & Penrith, 2017; OIE, 2021a). Meskipun penyakit yang menyebabkan perdarahan hebat ini mempunyai jangkauan inang (*host*) yang sangat terbatas dan

tidak memiliki potensi zoonosis, penyakit ASF ini diketahui dapat menyebabkan dampak sosial-ekonomi yang sangat tinggi akibat tingginya tingkat morbiditas dan mortalitas yang diakibatkan olehnya (S. Blome, Franzke, & Beer, 2020). Selanjutnya ketiadaan vaksin dan pengobatan yang efektif semakin

menambah kompleksitas dalam pencegahan maupun penanganan penyakit ini sekaligus menguatkan arti penting penyakit ini terutama bagi industri peternakan babi di seluruh dunia (L. K. Dixon, Sun, & Roberts, 2019). Pada beberapa tahun terakhir ini, penyakit ASF berkembang menjadi *re-emerging disease* yang mengkhawatirkan industri peternakan babi dunia (Sanchez-Cordon, Montoya, Reis, & Dixon, 2018) akibat meluasnya penularan penyakit ini ke wilayah-wilayah geografis baru yang secara sejarah bebas dari ASF seperti wilayah Asia Pasifik (OIE, 2021c). Karena faktor-faktor di ataslah maka ASF dikategorikan oleh *World Organisation for Animal Health* (WOAH) sebagai *notifiable disease* dimana introduksi penyakit ini ke suatu negara atau wilayah baru berdampak pada pemberlakuan pembatasan perdagangan dari daerah terdampak ASF tersebut (OIE, 2021a).

Penyakit ASF memiliki presentasi klinis dan lesi patologi yang bervariasi, mulai dari perakut, akut, subakut hingga kronis (Salguero, 2020). Adapun gejala klinis yang umum ditemui pada kasus ASF antara lain demam tinggi, lesi hemoragik, sianosis, anoreksia, dan ataksia (Sandra Blome, Gabriel, & Beer, 2013). Adanya variasi presentasi klinis dan ketiadaan gejala patognomonik menyebabkan kendala dalam identifikasi dini penyakit ini berdasarkan gejala klinis ataupun pemeriksaan post-

mortem, oleh sebab itulah uji diagnostik laboratorik khususnya dengan pendekatan molekuler seperti *Polymerase Chain Reaction* (PCR) penting dilakukan sebagai gold standard dalam diagnosa ASF (OIE, 2021a).

*African Swine Fever* (ASF) disebabkan oleh virus ASF, sebuah virus DNA untai ganda (*double-stranded DNA* atau dsDNA) besar dari genus *Asfivirus* dalam famili *Asfarviridae* (Alonso *et al.*, 2018). Genom dari virus ini terdiri dari satu molekul linier, kovalen dsDNA ujung tertutup 170-194kbp yang mengandung 151-167 *Open Reading Frames* (ORFs) bergantung dari strain virusnya (Alejo, Matamoros, Guerra, & Andrés, 2018; Andrés, Charro, Matamoros, Dillard, & Abrescia, 2020) dengan sebuah *Conserved Central Region* (CCR) 125 kb dan *variable ends*. Daerah variabel ini mengkodekan 5 *multigene families* (MGFs) yang berkontribusi pada variabilitas genom virus ASF (Bishop *et al.*, 2015; OIE, 2021a; Portugal *et al.*, 2015).

Virus ASF diketahui mengkodekan banyak protein yang berguna tidak hanya untuk perakitan virus tetapi juga untuk replikasi dan perbaikan DNA, ekspresi gen serta mekanisme penghindaran terhadap sistem pertahanan inang (Alejo *et al.*, 2018). Genom virus ASF mengkodekan 150-200 protein, sekitar 50 protein di antaranya adalah protein struktural struktural. Protein struktural seperti pp220,

pp62, p72, p54, p30 dan CD2v berfungsi sebagai komponen utama partikel virus yang berperan dalam infeksi virus dan replikasi genom (Linda K. Dixon, Chapman, Netherton, & Upton, 2013; Jia, Ou, Pejsak, Zhang, & Zhang, 2017).

Sampai dengan saat ini epidemiologi molekuler dari ASF diinvestigasi berdasarkan hasil sekuensing gen pengkode protein kapsid utama p72 (B646L) yang telah berhasil mendiferensiasi 24 genotipe dari berbagai belahan dunia (Achenbach *et al.*, 2017; Bastos *et al.*, 2003; Galindo & Alonso, 2017). Sebagian besar genotipe ini memiliki keterkaitan dengan wilayah geografis tertentu (Costard, Mur, Lubroth, Sanchez-Vizcaino, & Pfeiffer, 2013). Semua dari 24 genotipe virus ASF telah diidentifikasi di wilayah Afrika (Penrith, Bastos, Etter, & Beltrán-Alcrudo, 2019) sedangkan genotipe II paling banyak dilaporkan dari luar Afrika. Genotipe II adalah genotipe yang bertanggung jawab pada banyak kasus wabah ASF yang dilaporkan terjadi di wilayah Eropa Timur hingga Cina, Asia Tenggara dan Pasifik (Njau *et al.*, 2021).

Penyakit ASF pertama kalinya dikonfirmasi terjadi di Provinsi Nusa Tenggara Timur (NTT) khususnya di Pulau Timor

pada awal tahun 2020. Pada pertengahan 2019 sebelumnya, kasus ASF pertama kali dilaporkan di Provinsi Sumatera Utara dan Negara Timor Leste yang merupakan negara tetangga terdekat dari Provinsi NTT. Sampai saat ini ASF di NTT telah dilaporkan dari 21 kabupaten/kota di NTT (OIE, 2021b). Studi yang dilakukan oleh Dharmayanti *et al.* (2021) menemukan bahwa wabah ASF yang terjadi di Sumatra Utara dan Jawa Barat disebabkan oleh virus ASF Genotipe II yang berada pada satu kelompok dengan virus ASF asal Vietnam, Georgia, Cina dan Belgia. Informasi mengenai virus ASF di berbagai wilayah lain di Indonesia termasuk di Kota Kupang masih sangat terbatas hingga saat ini.

Studi molekuler ini bertujuan untuk menyajikan informasi molekuler mengenai virus ASF di Kota Kupang yang dikemudian harinya diharapkan dapat digunakan untuk memantau situasi ASF di NTT dan Indonesia pada umumnya dan Kota Kupang pada khususnya. Informasi ini juga dapat digunakan sebagai salah satu pertimbangan dalam penentuan kebijakan kontrol dan pemberantasan ASF di Kota Kupang.

## MATERI DAN METODE

Sekuensing DNA virus ASF diperoleh dari sampel organ babi (limfoglandula, ginjal, limpa) asal

Kota Kupang yang sebelumnya sudah diketahui positif virus ASF melalui PCR konvensional yang

mengamplifikasi segmen gen yang mengkodekan protein utama p72 (B646L) (Bastos *et al.*, 2003).

Hasil sekuensing kemudian dianalisis lebih lanjut dengan program BioEdit v7.2.5 (Ibis Biosciences) sehingga akhirnya

menghasilkan sekuens konsensus yang selanjutnya digunakan dalam analisis dengan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) pada NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) untuk analisis nukleotida dan homologinya.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Dari hasil BLAST dengan menggunakan *nucleotide* BLAST atau BLASTN (*nucleotide to nucleotide*) terkonfirmasi bahwa sekuens DNA asal Kota Kupang tersebut adalah benar sekuens virus ASF. Sekuens DNA virus ASF asal

Kota Kupang tersebut kemudian dianalisis dengan menggunakan BLAST untuk melihat homologi sekuens tersebut dengan sekuens DNA virus ASF lainnya yang ada pada data set dari NCBI.

Tabel 1. Nilai homologi antara sampel asal Kota Kupang dengan isolat pembanding lainnya berdasarkan hasil BLASTN di NCBI.

No	Sekuens Pembanding	Sampel asal Kota Kupang			Accession Length
		Query Cover	E value	Nilai homologi ( <i>Percentage of Identity</i> )	
1	MW825048.1 African swine fever virus isolate VN/Pig/LD37 major capsid protein p72 gene	99%	0.0	<b>100%</b>	482
2	MW825056.1 African swine fever virus isolate VN/Pig/LC33 major capsid protein p72 gene	99%	0.0	<b>100%</b>	482
3	MW825057.1 African swine fever virus isolate VN/Pig/LC37 major capsid protein p72 gene	99%	0.0	<b>100%</b>	482
4	MW825058.1 African swine fever virus isolate VN/Pig/LC38 major capsid protein p72 gene	99%	0.0	<b>100%</b>	482
5	MW825066.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482

No	Sekuens Pemanding	Sampel asal Kota Kupang			
		Query Cover	E value	Nilai homologi (Percentage of Identity)	Accession Length
6	VN/Pig/QN36 major capsid protein p72 gene MW825067.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482
7	VN/Pig/QN47 major capsid protein p72 gene MW825068.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482
8	VN/Pig/QN48 major capsid protein p72 gene MZ063771.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482
9	ASF/MZ/IND/1 major capsid protein p72 (P72) gene MZ063772.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482
10	ASF/MZ/IND/2 major capsid protein p72 (P72) gene MZ063773.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482
11	ASF/MZ/IND/3 major capsid protein p72 (P72) gene MT851942.1 African swine fever virus isolate	99%	0.0	<b>100%</b>	482
12	Indo/2019/Pig/North Sumatra structural protein p72 (B646L) gene MT851941.1 African swine fever virus isolate	94%	0.0	<b>100%</b>	457
	Indo/2020/Pig/West Java structural protein p72 (B646L) gene	94%	0.0	<b>100%</b>	457

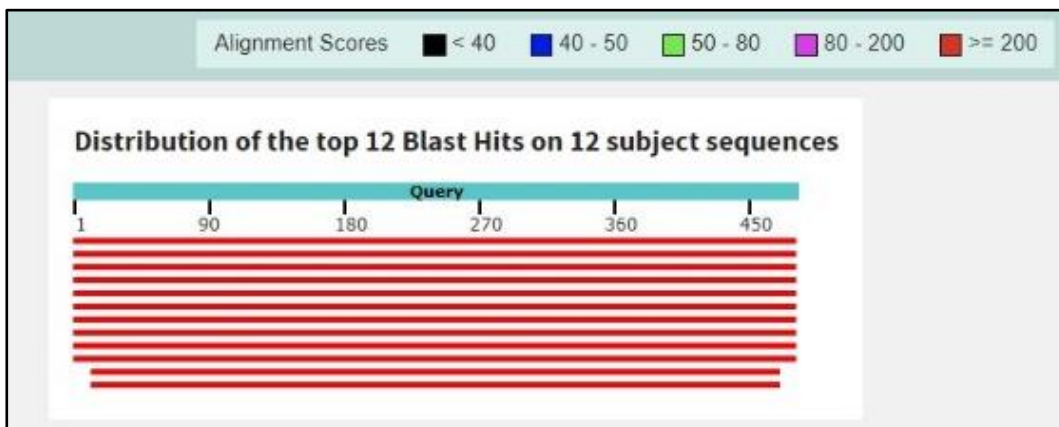
Hasil analisis homologi dengan BLAST pada NCBI pada Tabel 1 menunjukkan nilai homologi yang tinggi antara virus ASF asal

Kota Kupang dengan virus ASF asal Indonesia lainnya yaitu Sumatera Utara (MT851942.1) dan Jawa Barat (MT851941.1), sekuens virus ASF

asal India (MZ063771.1; MZ063772.1; MZ063773.1) dan asal Vietnam (MW825048.1; MW825056.1; MW825057.1; MW825058.1; MW825066.1; MW825067.1; MW825068.1). Diketahui bahwa 2 isolat virus ASF asal Sumatera Barat dan Jawa Barat serta 3 isolat virus ASF asal India yang digunakan sebagai sekuens pembandingan dalam analisis ini merupakan virus ASF genotipe II (Dharmayanti *et al.*, 2021; Rajkhowa *et al.*, 2022) sedangkan 7 isolat virus ASF yang digunakan dalam analisis ini belum dilengkapi dengan informasi maupun data publikasi mengenai genotipenya. Hasil

penyejajaran (*alignment*) dari sekuens gen p72 (B646L) virus ASF asal Kota Kupang dengan 2 sekuens virus ASF lainnya asal Indonesia (Sumatera Utara dan Jawa Barat), 3 sekuens virus ASF asal India dan 7 sekuens virus ASF asal Vietnam dapat dilihat pada Gambar 1 dan Gambar 2.

Hasil penyejajaran (*alignment*) sekuens antara sekuens virus ASF asal Kota Kupang dengan virus ASF asal Indonesia lainnya dan sekuens virus ASF dari Vietnam dan India menunjukkan sekuens yang identik satu sama lainnya dan tidak tampak adanya perubahan atau variasi genetik yang terjadi.



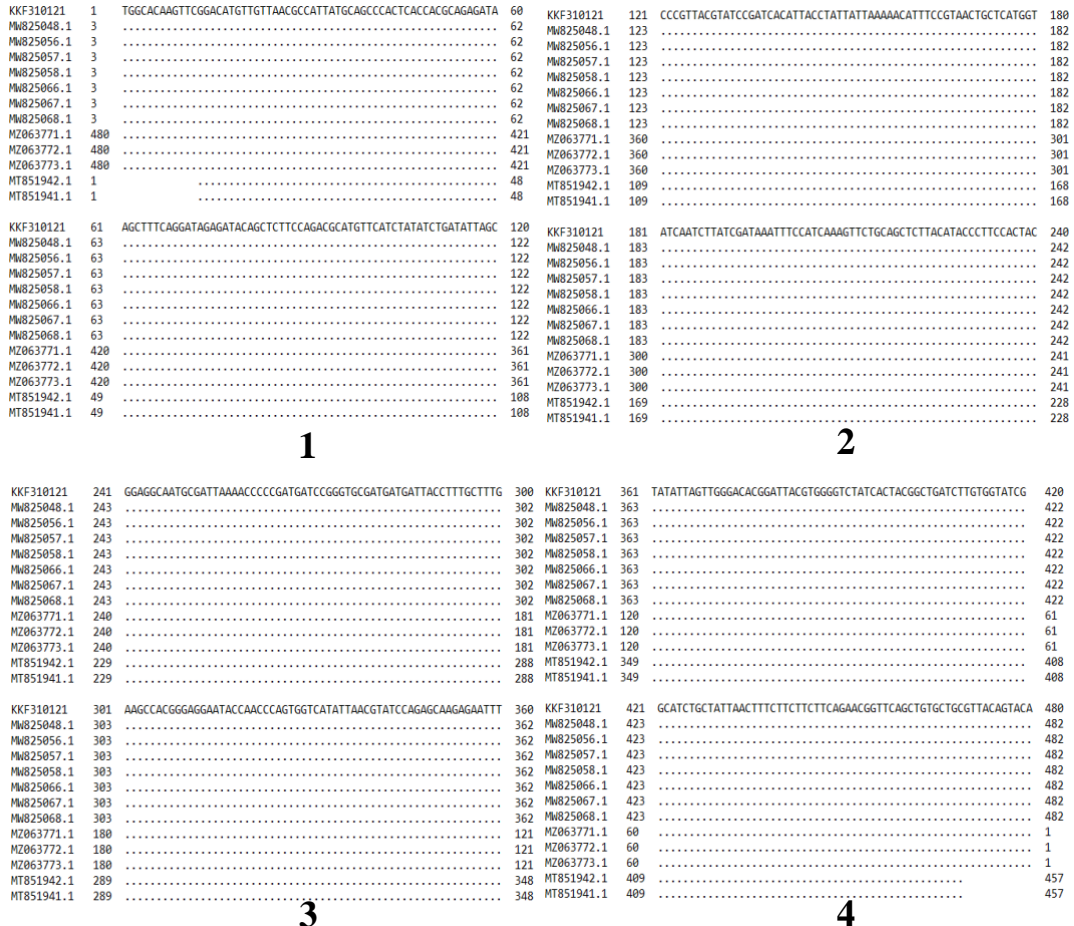
Gambar 1. Distribusi cakupan hasil penyejajaran (*alignment*) dari sekuens DNA gen p72 (B646L) virus ASF asal Kota Kupang (KKF310121) dengan 12 sekuens DNA gen p72 (B646L) virus ASF lainnya yang berasal dari 2 sekuens virus ASF asal Indonesia yaitu Sumatera Utara (MT851942.1) dan Jawa Barat (MT851941.1), 3 sekuens virus ASF asal India (MZ063771.1; MZ063772.1; MZ063773.1) dan 7 sekuens virus ASF asal Vietnam (MW825048.1; MW825056.1; MW825057.1; MW825058.1; MW825066.1; MW825067.1; MW825068.1).

Hasil analisis nukleotida dan homologi dari sekuens DNA gen p72 (B646L) virus ASF asal Kota Kupang ini dengan sekuens virus ASF dari wilayah geografis lainnya

menunjukkan adanya kemiripan yang tinggi antara virus ASF yang menyebabkan wabah ASF di Kota Kupang dengan virus ASF yang ditemukan di Sumatera Utara, Jawa

Barat dan di negara Asia lainnya seperti di India dan Vietnam. Hal ini mengindikasikan kemungkinan bahwa virus ASF asal Kota Kupang ini berada pada *cluster* yang sama

dengan virus ASF pada wilayah-wilayah diatas. Analisis lebih lanjut diperlukan untuk mengetahui genotipe dari virus ASF asal Kota Kupang.



Gambar 2. Analisis nukleotida hasil penyejajaran (*alignment*) dari sekuens DNA gen p72 (B646L) virus ASF asal Kota Kupang (KKF310121) dengan 2 sekuens virus ASF asal Indonesia yaitu Sumatera Utara (MT851942.1) dan Jawa Barat (MT851941.1), 3 sekuens virus ASF asal India (MZ063771.1; MZ063772.1; MZ063773.1) dan 7 sekuens virus ASF asal Vietnam (MW825048.1; MW825056.1; MW825057.1; MW825058.1; MW825066.1; MW825067.1; MW825068.1).

Diantara ke-24 genotipe dari virus ASF, virus ASF genotipe I dan II merupakan genotipe yang paling banyak dilaporkan menyebabkan wabah ASF dari berbagai wilayah di dunia (Gallardo *et al.*, 2021). Jika dilihat dari sebaran geografis dari

laporan kasus ASF diketahui bahwa semua 24 genotipe virus ASF ditemukan di benua Afrika (Penrith *et al.*, 2019). Hingga kini, virus ASF genotipe I paling banyak dilaporkan dari berbagai negara endemik ASF di Afrika dan satu-satunya wilayah

diluar Afrika yang masih endemik terhadap virus ASF genotipe I adalah di Pulau Sardinia, Italia (Torresi *et al.*, 2020). Dalam beberapa tahun terakhir ini virus ASF genotipe II

Hasil studi-studi sebelumnya menunjukkan bahwa genotipe II ASF memiliki korelasi dengan kasus ASF dengan manifestasi klinis akut maupun subakut (Izzati *et al.*, 2020). Selanjutnya, sebuah penelitian terbaru dari Cina yang sebelumnya selama 3 tahun diserang virus ASF genotipe II menunjukkan bahwa seiring waktu ditemukan virus ASF genotipe I dengan virulensi yang rendah. Meskipun demikian penelitian lebih lanjut mengenai masuknya genotipe I ini di wilayah Cina masih lebih lanjut diteliti. Virus ASF genotipe I yang baru muncul di wilayah Cina ini ditakutkan dapat menyebabkan kerugian ekonomi yang parah dan berkelanjutan untuk industri babi begitu genotipe tersebut menyebar di kawanan babi atau menginfeksi induk babi dan babi hutan (Sun *et al.*, 2021).

Secara umum ada beberapa faktor risiko yang memungkinkan masuk dan menyebarnya virus ASF di daerah-daerah di Indonesia yaitu antara lain melalui praktik *swill feeding*, *fomites* asal pelaku

merupakan genotipe yang paling banyak dilaporkan dari negara-negara lainnya di luar Afrika seperti di Eropa dan Asia-Pasifik (Chenais *et al.*, 2019; Kedkovid *et al.*, 2020).

perjalanan dari daerah tertular ASF (Sendow, Ratnawati, Dharmayanti, & Saepulloh, 2020). Selain faktor-faktor diatas, faktor lain seperti lalulintas dan transportasi babi hidup maupun produknya, *fomites* dari petugas kandang, kendaraan dan hewan (OIE, 2021b), pasar hewan hidup, penyembelihan darurat diluar pengawasan dokter hewan, serta pembuangan bangkai babi terinfeksi ASF ke lingkungan merupakan faktor risiko penting lainnya yang mendukung penyebaran penyakit ASF di Indonesia khususnya di wilayah NTT.

Penerapan biosekuriti peternakan, pengendalian praktik *swill feeding* dan pengawasan terhadap lalulintas babi serta produknya adalah elemen penting dalam kontrol maupun pemberantasan ASF. Selain itu peningkatan kesadaran peternak dan stakeholders akan arti pentingnya penyakit ini dan penerapan manajemen peternakan yang baik mutlak diperlukan.

## KESIMPULAN

Virus ASF yang menyebabkan ASF di Kota Kupang pada gelombang kedua wabah ASF di Kota Kupang pada awal tahun 2021 memiliki keterkaitan erat dengan

virus ASF yang berasal dari wilayah lain di Indonesia (Sumatera Utara dan Jawa Barat) serta beberapa negara di Asia seperti di Vietnam dan India. Perlu penelitian lebih lanjut mengenai



genotipe virus ASF ini. Aplikasi biosekuriti yang ketat dan kontrol terhadap lalulintas ternak babi dan produknya perlu mendapat perhatian

lebih dalam mengendalikan kasus ASF dan penyebarannya ke wilayah lain yang masih bebas ASF.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan limpah terima kasih dan apresiasi atas kerja sama dari peternak, Dinas Pertanian, Peternakan, Perkebunan dan

Kehutanan Kota Kupang, Dinas Peternakan Provinsi NTT serta semua stakeholder terkait.

### DAFTAR PUSTAKA

- Achenbach, J. E., Gallardo, C., Nieto-Pelegri, E., Rivera-Arroyo, B., Degefa-Negi, T., Arias, M., . . . Sanchez-Vizcaino, J. M. (2017). Identification of a New Genotype of African Swine Fever Virus in Domestic Pigs from Ethiopia. *Transbound Emerg Dis*, *64*(5), 1393-1404. doi:10.1111/tbed.12511
- Alejo, A., Matamoros, T., Guerra, M., & Andrés, G. (2018). A Proteomic Atlas of the African Swine Fever Virus Particle. *Journal of Virology*, *92*(23), e01293-01218. doi:10.1128/JVI.01293-18
- Alonso, C., Borca, M., Dixon, L., Revilla, Y., Rodriguez, F., Escribano, J. M., & Consortium, I. R. (2018). ICTV Virus Taxonomy Profile: Asfarviridae. *J Gen Virol*, *99*(5), 613-614. doi:10.1099/jgv.0.001049
- Andrés, G., Charro, D., Matamoros, T., Dillard, R. S., & Abrescia, N. G. A. (2020). The cryo-EM structure of African swine fever virus unravels a unique architecture comprising two icosahedral protein capsids and two lipoprotein membranes. *Journal of Biological Chemistry*, *295*(1), 1-12. doi:https://doi.org/10.1074/jbc.AC119.011196
- Bastos, A. D., Penrith, M. L., Cruciere, C., Edrich, J. L., Hutchings, G., Roger, F., . . . G, R. T. (2003). Genotyping field strains of African swine fever virus by partial p72 gene characterisation. *Arch Virol*, *148*(4), 693-706. doi:10.1007/s00705-002-0946-8
- Beltrán-Alcrudo, D., Arias, M., Gallardo, C., Kramer, S. A., & Penrith, M.-L. (Eds.). (2017). *African swine fever: detection and diagnosis – A manual for veterinarians* (FAO Animal Production and Health Manual No. 19 ed.): Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).
- Bishop, R. P., Fleischauer, C., de Villiers, E. P., Okoth, E. A., Arias, M., Gallardo, C., & Upton, C. (2015). Comparative analysis of the complete genome sequences of Kenyan African swine fever virus isolates within p72 genotypes IX and X. *Virus Genes*, *50*(2), 303-309. doi:10.1007/s11262-014-1156-7

- Blome, S., Franzke, K., & Beer, M. (2020). African swine fever - A review of current knowledge. *Virus Res*, 287, 198099. doi:10.1016/j.virusres.2020.198099
- Blome, S., Gabriel, C., & Beer, M. (2013). Pathogenesis of African swine fever in domestic pigs and European wild boar. *Virus Research*, 173(1), 122-130. doi:https://doi.org/10.1016/j.virusres.2012.10.026
- Costard, S., Mur, L., Lubroth, J., Sanchez-Vizcaino, J. M., & Pfeiffer, D. U. (2013). Epidemiology of African swine fever virus. *Virus Research*, 173(1), 191-197. doi:https://doi.org/10.1016/j.virusres.2012.10.030
- Dharmayanti, N. I., Sendow, I., Ratnawati, A., Settypalli, T. B. K., Saepulloh, M., Dundon, W. G., . . . Lamien, C. E. (2021). African swine fever in North Sumatra and West Java provinces in 2019 and 2020, Indonesia. *Transbound Emerg Dis*. doi:10.1111/tbed.14070
- Dixon, L. K., Chapman, D. A. G., Netherton, C. L., & Upton, C. (2013). African swine fever virus replication and genomics. *Virus Research*, 173(1), 3-14. doi:https://doi.org/10.1016/j.virusres.2012.10.020
- Dixon, L. K., Sun, H., & Roberts, H. (2019). African swine fever. *Antiviral Res*, 165, 34-41. doi:10.1016/j.antiviral.2019.02.018
- Galindo, I., & Alonso, C. (2017). African Swine Fever Virus: A Review. *Viruses*, 9(5). doi:10.3390/v9050103
- Gallardo, C., Sastre, P., Rueda, P., Gerilovych, A. P., Kit, M., Nurmoja, I., & Potier, M. F. L. (2021). 5. Methods for African swine fever diagnosis in clinical and environmental samples. In *Understanding and combatting African Swine Fever* (pp. 141-160): Wageningen Academic Publishers.
- Izzati, U. Z., Inanaga, M., Hoa, N. T., Nueangphuet, P., Myint, O., Truong, Q. L., . . . Yamaguchi, R. (2020). Pathological investigation and viral antigen distribution of emerging African swine fever in Vietnam. *Transboundary and Emerging Diseases*.
- Jia, N., Ou, Y., Pejsak, Z., Zhang, Y., & Zhang, J. (2017). Roles of African Swine Fever Virus Structural Proteins in Viral Infection. *Journal of veterinary research*, 61(2), 135-143. doi:10.1515/jvetres-2017-0017
- Njau, E. P., Domelevo Entfellner, J. B., Machuka, E. M., Bochere, E. N., Cleaveland, S., Shirima, G. M., . . . Okoth, E. A. (2021). The first genotype II African swine fever virus isolated in Africa provides insight into the current Eurasian pandemic. *Sci Rep*, 11(1), 13081. doi:10.1038/s41598-021-92593-2
- OIE. (2021a). African Swine Fever (Infection with African Swine Fever Virus). In *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals* (pp. 1-18).
- OIE. (2021b). Follow-up report 3 African swine fever virus (Inf. with) , Indonesia. Retrieved from

- <https://wahis.oie.int/#/report-info?reportId=28198>
- OIE. (2021c). Situational updates of ASF in Asia and the Pacific. Retrieved from <https://rr-asia.oie.int/en/projects/asf/situational-updates-of-asf/>. <https://rr-asia.oie.int/en/projects/asf/situational-updates-of-asf/>
- Penrith, M. L., Bastos, A. D., Etter, E. M. C., & Beltrán-Alcrudo, D. (2019). Epidemiology of African swine fever in Africa today: Sylvatic cycle versus socio-economic imperatives. *Transbound Emerg Dis*, *66*(2), 672-686. doi:10.1111/tbed.13117
- Portugal, R., Coelho, J., Hoper, D., Little, N. S., Smithson, C., Upton, C., . . . Keil, G. M. (2015). Related strains of African swine fever virus with different virulence: genome comparison and analysis. *J Gen Virol*, *96*(Pt 2), 408-419. doi:10.1099/vir.0.070508-0
- Rajkhowa, T. K., Kiran, J., Hauhnar, L., Zodinpui, D., Paul, A., & Sagolsem, S. (2022). Molecular detection and characterization of African Swine Fever virus from field outbreaks in domestic pigs, Mizoram, India. *Transbound Emerg Dis*, *69*(4), e1028-e1036. doi:10.1111/tbed.14384
- Salguero, F. J. (2020). Comparative Pathology and Pathogenesis of African Swine Fever Infection in Swine. *Frontiers in veterinary science*, *7*(282). doi:10.3389/fvets.2020.00282
- Sanchez-Cordon, P. J., Montoya, M., Reis, A. L., & Dixon, L. K. (2018). African Swine fever: A re-emerging Viral Disease Threatening the Global Pig Industry. *Vet J*, *233*, 41-48. doi:10.1016/j.tvjl.2017.12.025
- Sendow, I., Ratnawati, A., Dharmayanti, N. L. P., & Saepulloh, M. (2020). African Swine Fever: Penyakit Emerging yang Mengancam Peternakan Babi di Dunia. *Indonesian Bulletin of Animal and Veterinary Sciences*, *30*, 15. doi:10.14334/wartazoa.v30i1.2479
- Sun, E., Huang, L., Zhang, X., Zhang, J., Shen, D., Zhang, Z., . . . Bu, Z. (2021). Genotype I African Swine Fever Viruses Emerged in Domestic Pigs in China and Caused Chronic infection. *Emerging Microbes & Infections*, *10*(1), 2183-2193. doi:10.1080/22221751.2021.1999779.