

Karakterisasi genetik gen E1 dan E2 virus chikungunya yang beredar di Wilayah Yogyakarta, Jember, Manado, Bandung, dan Jakarta dalam Tahun 2000-2005.

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20175505&lokasi=lokal>

Abstrak

Virus chikungunya (CHIKV) telah diketahui menginfeksi manusia dan menyebabkan penyakit di Indonesia sejak tahun 1982. Karakterisasi genetik yang berkelanjutan sangat diperlukan untuk membantu pengembangan upaya penanggulangan infeksi CHIKV di Indonesia. Penelitian dilakukan terhadap 14 isolat CHIKV hasil isolasi Viral Disease Program, US NAMRU-2, dalam tahun 2000--2005 dari Yogyakarta, Jember, Manado, Bandung, dan Jakarta dengan tujuan mengkarakterisasi genetik dan menggolongkan genotipe berdasarkan sekuens sebagian gen envelope-1 (E1) sepanjang 260 nt dan gen envelope-2 (E2) sepanjang 220 nt. Sekuens kedua gen diperoleh melalui amplifikasi menggunakan empat primer (JMCL5, JMCR5, JMCL6, dan JMCR7) dan metode direct sequencing menggunakan automated DNA sequencer. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik dengan metode neighbor-joining pada kedua wilayah gen menunjukkan seluruh isolat Indonesia berada dalam clade genotipe Asia. Seluruh isolat Indonesia terkelompok dalam cluster yang monofiletik, mengindikasikan adanya karakter spesifik. Tingkat kesamaan sekuens di antara isolat-isolat Indonesia bernilai lebih besar pada wilayah gen E1 (98,8--100%) daripada wilayah gen E2 (97,7--100%). Hasil alignment dengan strain vaksin, strain Nagpur, strain S27, dan strain 37997 menunjukkan terjadinya delapan substitusi nukleotida pada masing-masing wilayah gen E1 dan gen E2 isolat-isolat Indonesia dengan tiga di antaranya mengakibatkan perubahan asam amino (E1-F81L, E2-T92M, dan E2-T116I). Karakter-karakter molekular yang unik tersebut menunjukkan adanya potensi evolusi mikro CHIKV di Indonesia.