

Design primer untuk sequencing virus dengue serotipe 3 untuk digunakan pada epidemiologi molekular virus dengue di Jakarta = Primer design for sequencing dengue virus serotype 3 to be used in molecular epidemiological of dengue viruses in Jakarta

Indah Saraswati, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20385533&lokasi=lokal>

Abstrak

Indonesia merupakan negara pertama ditemukannya penyakit demam berdarah, yaitu pada tahun 1968. Hingga pada tahun 2004, beberapa studi menemukan bahwa virus dengue serotipe 3 (DENV-3) merupakan penyebab demam berdarah paling dominan dan menyebabkan gejala yang paling berat.

Tujuan dari studi ini adalah untuk mengetahui genotipe dari DENV-3 di Jakarta yang berguna untuk diagnosis awal dan pengembangan vaksin. Ditambah lagi, primer yang di rancang di penelitian ini berguna untuk penelitian demam berdarah berikutnya. Riset ini diambil dari 100 pasien demam berdarah rawat inap di RSCM dan pengumpulan setiap data dibantu oleh lembaga Eijkman. Sampel diambil dengan consecutive sampling dan dianalisis menggunakan Genetyx v5.1.

Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa mayoritas virus dengue serotipe 3 yang ditemukan di Indonesia termasuk dalam genotipe I yang hampir identik dengan dengue virus serotipe 3 dari Thailand. Selain itu, ditemukan bahwa tingkat pasien demam berdarah pada anak-anak lebih tinggi disbanding pasien dewasa. Namun berdasarkan uji chi-square, ditemukan bahwa kategori jenis kelamin, umur dan daerah Jakarta tidak terdapat hubungan signifikan dengan terjadinya demam berdarah.

Para peneliti diharapkan untuk melakukan penelitian lebih lanjut untuk melakukan sequencing lebih banyak lagi dan tidak hanya dilakukan di Jakarta saja tetapi di daerah lain, karena tingkat pasien demam berdarah yang tinggi di Indonesia.

Indonesia was the first country where dengue hemorrhagic fever (DHF) was found in 1968. Ever since, the increasing cases were reported every year, and this became a major concern of health problem worldwide. In addition, dengue virus (DENV) serotype 3, which cause the most severe clinical manifestation among other dengue virus strands, was found as the most predominant DENV in Indonesia. This study aimed to find the genotype of the dengue virus in Jakarta to become the base in the development of vaccine and molecular diagnostic. Moreover, this study designed the primer of DENV for future laboratories research. This study was participated by 100 suspected dengue patients in RSCM and data collection was conducted by Eijkman, the research institute. Samples were taken by consecutive sampling and analysed by Genetyx v5.1.

The results gave information that a majority of virus dengue serotype 3 in Indonesia was consisted of genotype I, which is identical with dengue virus serotype 3 in Thailand. Furthermore, we found that the incidence of pediatric dengue patients is higher than adults. However, in accordance with the chi square test, there is no significant relationship between different patient's categories (gender, age, region).

It is expected that, DNA sequencing for other DENV-3 should be inspected further in Jakarta and this research should also be done in other areas in Indonesia as this country is one of the countries with high yield of dengue evidence.