

Analisis Genetik Envelope dan Partial E (Domain III) virus Dengue Serotipe-1 Strain Indonesia sebagai dasar pengembangan Vaksin = Genetic analysis of envelope and partial E (Domain) dengue virus serotype-1 strain Indonesia as the basis for vaccine development

Arvin Pramudita, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20411087&lokasi=lokal>

---

Abstrak

Indonesia merupakan negara dengan jumlah kasus dengue terbanyak dan terparah di Asia Tenggara Studi filogenetik virus dengue DENV diperlukan sebagai dasar pengembangan struktur vaksin yang cocok Meskipun demikian data sekuens DENV masih terbatas Penelitian ini bertujuan menganalisis sekuens dan filogenetik keseluruhan gen envelope DENV 1 dibandingkan dengan domain III saja Data didapatkan dari GenBank dan Laboratorium Mikrobiologi Fakultas Kedokteran Universitas Indonesia berupa whole genome DENV 1 sebanyak 30 sekuens yang diolah dengan Genetyx 5 1 Hasil analisis nukleotida gen envelope DENV 1 menunjukkan strain Indonesia termasuk genotipe I dan IV Sedangkan analisis nukleotida dengan hanya domain III menunjukkan adanya perbedaan cluster antar strain namun tetap dalam genotipe yang sama Dengan demikian studi filogenetik penentuan genotipe dapat dilakukan dengan hanya menggunakan domain III saja Analisis homologi asam amino domain III menunjukkan epitope utama dilestarikan dan dapat menjadi landasan penting dalam pembuatan vaksin dengue berbasis domain III

<hr>

Phylogenetic study of dengue virus DENV is required as a basis to develop a suitable structure for vaccine development Nonetheless DENV sequence data is limited This study aims to analyze and compare the sequence and phylogenetic of DENV 1 envelope gene with domain III The data is obtained from GenBank and Laboratory of Microbiology Faculty of Medicine Universitas Indonesia Thirty sequences of DENV 1 whole genome were processed using Genetyx 5 1 Analysis using DENV 1 envelope nucleotide showed that strain Indonesia has genotype I and IV Analysis using only the nucleotide of domain III showed the same genotype with difference of clusters between strains Thus phylogenetic studies determining the genotype can be done using domain III alone Homology analysis of amino acid of domain III showed that the main epitope is well reserved This finding can be an important cornerstone in the development of domain III based dengue vaccine