

## Karakterisasi molekuler virus chikungunya yang diisolasi dari kejadian luar biasa di Indonesia tahun 2012-2014 = Molecular characterization of chikungunya virus isolated from outbreaks in Indonesia in 2012-2014 / Eka Pratiwi

Eka Pratiwi, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20423435&lokasi=lokal>

---

Abstrak

### **ABSTRAK**

Demam chikungunya adalah penyakit yang disebabkan oleh virus chikungunya (CHIKV) yang dapat menginfeksi manusia melalui gigitan nyamuk. CHIKV ditularkan melalui nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus*. CHIKV juga merupakan penyakit arbovirus yang penting karena morbiditas yang tinggi. Kejadian Luar Biasa (KLB) infeksi CHIKV pertama kali dilaporkan pada tahun 1973 di Kalimantan Timur dan DKI Jakarta. Dengan besarnya frekuensi KLB dan tingginya prevalensi infeksi CHIKV di Indonesia maka diperlukan studi genotipe CHIKV. Faktor virus seperti variasi genotipe diyakini berperan dalam menentukan derajat keparahan penyakit. Pada penelitian ini menggunakan sampel yang tersimpan di Badan Litbangkes Jakarta sebagai Pusat Rujukan pemeriksaan infeksi CHIKV. Variasi genetik CHIKV dari 19 sampel dari 8 Propinsi di Indonesia tahun 2012-2014 dikerjakan dengan melakukan amplifikasi dan sekuensing gen E1 dan Capsid. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa semua sampel pada penelitian adalah genotipe Asian. Homologi nukleotida dan asam amino gen E1 ditemukan berkisar 97,8%-100% dan 95,6%-100% untuk asam aminonya. Analisis epitop sel B dan sel T pada gen capsid memperlihatkan tidak adanya perbedaan antara CH12\_069 dengan genotipe CHIKV di dunia. Epitop sel B di gen E1 ada beberapa perbedaan antara CH12\_069 dengan genotipe Asian yaitu K196R dan L203I, sedangkan epitop sel T pada gen E1 tidak ditemukan perubahan asam amino.

---

### **ABSTRACT**

Chikungunya fever is a disease caused by the chikungunya virus (CHIKV) that can infect humans through mosquito bites. CHIKV is transmitted by *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* mosquitos. CHIKV is also an important arbovirus disease because of the high morbidity. The outbreaks of CHIKV infection was first reported in 1973 in East Kalimantan and Jakarta. With the magnitude of the frequency of outbreaks and the high prevalence of CHIKV infection in Indonesia, CHIKV genotype study is needed. Viral factor such as genotype variation is suggested play a role in determining the degree of severity of the disease. In this study, we used the stored samples in National Institute of Health Research and Development Jakarta as a Reference Laboratory Center of CHIKV infection. Genetic variation CHIKV of 19 samples from 8 provinces in Indonesia in 2012-2014 done by performing amplification and sequencing of genes E1 and capsids. Phylogenetic analysis showed that all samples in this study were Asian genotype. E1 gene nucleotide homology was found ranging from 97.8%-100% and 95.6%-100% for the amino acid. Analysis of B cell epitops and T cells epitop in the capsid gene showed no differences between CH12\_069 with CHIKV genotype in the world. B cells epitops in E1 gene were showed no specific distinction between CH12\_069 among CHIKV strains all over the world. B cell epitops in E1 gene there were some differences between CH12\_069 with the Asian genotype such as K196R and L203I, whereas T cell epitops in E1 gene not found amino acid changes.