

Partly 5` untranslated region (5` UTR)-based phylogenetic analysis of three hepatitis c virus isolates from Jakarta, Indonesia: a preliminary study / Andi Yasmon, Maria L. Rosilawati

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20442780&lokasi=lokal>

Abstrak

Currently, we reported results of a nested polymerase chain reaction (PCR) assay specific 5` untranslated region (UTR) region of hepatitis C virus (HCV) genome that showed three different patterns of deoxyribonucleic acid (DNA) fragments (single expected specific DNA band, single DNA band higher in size than an expected band, and multiple DNA bands). Three isolates (Isolate A, B, and C), representing all the three DNA bands, were analyzed by using phylogenetic trees. The results showed that the Isolate A, B, and C were classified into HCV genotypes 2, 1, and 3, respectively. The Isolate A and B were very closely related to viral isolates from Madagascar and Brazil, respectively and were not closely related to other Indonesia isolates. In contrast with the Isolate A and B, the Isolate C was very closely related to another Indonesia isolate. Among all there isolates, the Isolate C was very closely related to an Indonesia isolate detected from a cirrhosis patient, indicating that the Isolate C might be more virulence than the Isolate B and C. However, a complete genome-based comprehensive genetic characterization for all the three isolates needs to be conducted in future research to confirm all findings in this study.

Analisis Filogenetik Berbasis Region 5` yang Tidak Ditranslasikan Sebagian (Partly 5` UTR) terhadap Tiga Isolat

Virus Hepatitis C di Jakarta, Indonesia: Kajian Pendahuluan. Makalah ini adalah laporan hasil pengujian genom

HCV dengan metode nested PCR 5` UTR spesifik yang menunjukkan adanya tiga pola fragmen DNA yang berbeda

(untai DNA spesifik yang diekspektasi tunggal, untai DNA tunggal yang berukuran lebih tinggi daripada untai yang

diekspektasi, dan untai DNA majemuk). Tiga isolat (Isolat A, B, dan C) yang mewakili tiga berkas DNA itu dianalisis

dengan pohon filogenetik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa Isolat A, B, dan C tergolong genotipe HCV

2, 1, dan 3

secara berturut-turut. Isolat A dan B masing-masing berhubungan erat dengan isolat virus dari Madagaskar dan Brazil,

meskipun keduanya tidak berhubungan erat dengan isolat dari Indonesia. Berbeda dengan isolat A dan B, Isolat C

berhubungan erat dengan isolat dari Indonesia. Di antara ketiga isolat, Isolat C memiliki hubungan paling erat dengan

isolat Indonesia yang ditemukan pada seorang pasien kiroosis. Hal ini menunjukkan adanya kemungkinan bahwa Isolat C

lebih berbahaya daripada Isolat B dan C. Bagaimanapun, karakterisasi genetik komprehensif berbasis genom yang

lengkap terhadap ketiga isolat perlu dilaksanakan pada kajian-kajian berikutnya untuk mendukung hasil penelitian ini.