

Studi Variasi Sekuens Gen Calmodulin (CaM) *Aspergillus* spp. dari Isolat Spesimen Klinis Penderita Chronic Pulmonary Aspergillosis (CPA) Pasca Infeksi Tuberkulosis = Study on Calmodulin (CaM) Gene Sequence of *Aspergillus* spp. from Clinical Specimen Cultures of Post-Tuberculosis Chronic Pulmonary Aspergillosis (CPA) Patients

Syamsu Nur Riza Ananda, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20523323&lokasi=lokal>

Abstrak

Kasus chronic pulmonary aspergillosis (CPA) di Indonesia memiliki prevalensi ±83.000 penderita dengan penambahan kasus baru sebanyak 17.561 pasien dengan riwayat tuberkulosis paru-paru setiap tahunnya, disebabkan oleh kapang *Aspergillus* spp. Gen calmodulin (CaM) merupakan markah genetik *Aspergillus* yang memiliki spesifikasi sekuens tinggi untuk membedakan tiap spesies *Aspergillus*, namun studi mengenai profil sekuensnya pada isolat penderita CPA pasca tuberkulosis di Indonesia belum ditemukan laporannya. Penelitian ini menggunakan gen CaM untuk dianalisis sekuens DNA-nya sekaligus mengidentifikasi dan memantau spesies *Aspergillus* dari 31 isolat spesimen klinis pasien CPA berriwayat tuberkulosis paru-paru dari 6 rumah sakit umum di Jakarta. Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan metode PCI lalu gen CaM diamplifikasi dengan primer Cmd5 dan Cmd6, selanjutnya dilakukan sekuensing DNA. Hasil menunjukkan sekuens gen CaM *Aspergillus* spp. memiliki wilayah lestari dan polimorfik khas antar spesies intraseksi maupun interseksi (*Nigri*, *Fumigati*, dan *Flavi*). Hasil identifikasi molekuler menunjukkan spesies terdiri dari *A. niger* (n = 3), *A. fumigatus* (n = 17), *A. flavus* (n = 4), *A. tubingensis* (n = 2), *A. welwitschiae* (n = 2), *A. tamarii* (n = 2), dan *A. brunneoviolaceus* (n = 1). Spesies *A. welwitschiae* dan *A. tamarii* dikonfirmasi menjadi salah satu spesies kriptik penyebab CPA pada pasien berriwayat tuberkulosis paru-paru di Jakarta, Indonesia.

.....The number of chronic pulmonary aspergillosis (CPA) cases in Indonesia reached a prevalence number ±83.000 patients with increasing rate of 17.561 patients with lung tuberculosis medical history each year, caused by *Aspergillus* fungi. Calmodulin (CaM) gene is a biomarker for *Aspergillus* which has high sequence specificity to distinguish among species within the group, however a report to characterize its sequence profile on post-tuberculosis CPA isolates in Indonesia has not yet been found. The aims of this research are to conduct sequence analysis on *Aspergillus* CaM genes, also to identify and monitor the species from 31 isolates of post-tuberculosis CPA patient's clinical specimens obtained from 6 public hospital in Jakarta. The results showed that CaM gene from *Aspergillus* spp. have unique conserved and polymorphic regions both intra/intersectionally (among *Nigri*, *Fumigati*, and *Flavi*) within the genus. The molecular identification results revealed a species consisting *A. niger* (n = 3), *A. fumigatus* (n = 17), *A. flavus* (n = 4), *A. tubingensis* (n = 2), *A. welwitschiae* (n = 2), *A. tamarii* (n = 2), and *A. brunneoviolaceus* (n = 1). *A. welwitschiae* and *A. tamarii* are confirmed to be one of cryptic species responsible for causing human post-tuberculosis CPA in Jakarta, Indonesia.