

Penentuan sekuen konsensus protease dan reverse Transcriptase Human Immunodeficiency Virus Tipe I Isolat Indonesia untuk desain Vaksin HIV/AIDS = determination of protease and reverse Transcriptase Human Immunodeficiency virus type 1 Indonesia isolat consensus sequences for HIV/AIDS vaccine design

Suratno Lulut Ratnoglik, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20338886&lokasi=lokal>

Abstrak

Infeksi Human Immunodeficiency Virus tipe I (HIV-1) sebagai penyebab AIDS (Acquired Immunodeficiency Syndrome) merupakan salah satu masalah utama kesehatan dunia yang harus segera diatasi. Sejak ditemukannya penyakit tersebut, vaksin yang dihipotesiskan tidak kunjung tersedia karena berbagai usaha pengembangan vaksin HIV-1 mengalami hambatan besar oleh karena keanekaragaman HIV-1 yang tinggi. Strategi mutakhir untuk mengatasi hambatan tersebut adalah pengembangan vaksin HIV-1 yang spesifik pada sub tipe dan populasi di regional tertentu. menggunakan isolat identik dengan sekuen konsensus yang telah ditentukan, sebagai kandidat vaksin.

Tujuan penelitian ini adalah menentukan sekuen konsensus HIV-1 di Indonesia dengan menggunakan sekuen - sekuen gen protease dan gen reverse transcriptase HN - 1 sub tipe paling dominan isolat Indonesia dari isolat darah plasma orang terinfeksi HIV akibat penggunaan narkoba dengan jarum suntik (penas). Berdasarkan analisis dalam penelitian ini diketahui bahwa CRFOI_AE merupakan sub tipe paling dominan di Indonesia dan telah berhasil diperoleh sekuen konsensus protease dan reverse transcriptase HIV-1 CRFOI_AE Indonesia. Sekuen konsensus protease Indonesia tersebut memiliki perbedaan dengan sekuen konsensus dari database Los Alamos National Laboratory (LANL) sebesar 2,7% untuk sekuen nukleotida ($p = 0,030$); 5,1% untuk sekuen asam amino ($p = 0,000$). Sedangkan sekuen konsensus reverse transcriptase Indonesia memiliki perbedaan dengan sekuen konsensus dari LANL sebesar 2,0% untuk nukleotida ($p = 0,208$) dan 3,0% untuk asam amino ($p = 0,015$).

<hr>

Human Immunodeficiency Virus type I (HIV-I) infection as the etiology of AIDS (Acquired Immunodeficiency Syndrome) is a major health problem which need to be urgently solved. Since the discovery of the disease, the effective vaccine is still not available. It is caused by widely the diversity of HIV-I. Novel strategy to overcome this problem is to develop country-specific HIV-1 vaccine, which use the most identical isolate with consensus sequences that had been determined, as vaccine candidate.

This study aims to determine consensus sequences (CS) of HIV-1 in Indonesia by using sequences of protease gene and reverse transcriptase I gene of the most predominant subtype HIV-1 sequences from HIV-infected intravenous drug users' blood plasma. This study concluded that CRFOI_AE is the most predominant subtype HIV-1 in Indonesia. Nucleotide and amino acid of Iprotease which determine as CS has 2.7% ($p = 0,030$) and 5.1% ($p = 0,000$) differences with CS of CRFOI_AE respectively. While nucleotide and amino acid of reverse transcriptase of the CS has 2,0% ($p = 0,208$) and 3,0% ($p = 0,015$) differences with CS of CRFOI_AE of the LANL, respectively.