

Design primer untuk sequencing virus dengue serotipe 2 untuk digunakan pada studi epidemiologi molekular virus dengue di jakarta = Primer design for sequencing dengue virus serotype 2 to be used in molecular epidemiological study of dengue viruses in jakarta

Fadila Asmaniar, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20367478&lokasi=lokal>

Abstrak

Dalam beberapa tahun terakhir, Demam Berdarah Dengue (DBD) telah menjadi isu utama di antara masalah kesehatan di seluruh dunia. DBD adalah infeksi nyamuk yang bermanifestasi dalam berat penyakit seperti flu, dan mungkin berkembang menjadi komplikasi yang berpotensi mematikan yang disebut Dengue Shock Syndrome. Dengue sering ditemukan di daerah tropis dan sub-tropis di seluruh dunia, terutama di daerah perkotaan dan semi-perkotaan. Dalam konkordansi untuk metode diagnostik dan pengembangan vaksin, variasi genetik terjadi. Di sini dianalisis genom 2 DENV menggunakan perangkat lunak Gentyx dalam rangka untuk mencari tahu apa genotipe dari DENV 2 serotipe.

Penelitian ini mengambil desain studi cross sectional di Jakarta 2010. Sampel diambil dari pasien DBD yang serum diuji dengan RT-PCR sebagai standar emas untuk mengkonfirmasi apakah pasien menderita DBD atau tidak. Sampel populasi dicurigai pasien DBD dari 5 kota di Jakarta dengan usia mereka mulai dari 14 sampai 60 tahun.

Penelitian ini dilakukan untuk mengevaluasi karakteristik pasien dengue dan genotipe virus dengue. Selain itu, kami merancang primer untuk memperkuat dan mensekuens genom virus dengue galur Indonesia.

Hasilnya menunjukkan bahwa perempuan memiliki jumlah yang sedikit lebih tinggi dibandingkan laki-laki dengan DBD telah dikonfirmasi. DENV 2 ditemukan menjadi serotipe yang paling beredar di Jakarta.

Selanjutnya, 14 sampai 20 tahun adalah kelompok paling dominan di antara semua kelompok umur.

Disarankan untuk melakukan penelitian lebih dari DENV 2 di Indonesia yang menggunakan cakupan yang lebih luas dari provinsi dan angka sampel yang lebih banyak.

In the past few years, Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) has been a major issue among the worldwide health problems. DHF is a mosquito-borne infection that manifests in severe flu-like illness, and it might progress to a complication potentially leading to mortality termed as Dengue Shock Syndrome.

Dengue is a frequent virus in tropical and sub-tropical regions, especially in urban and semi-urban areas. In concordance with diagnostic methods and vaccine development, genetic variation takes place. In this study we analyze the DENV 2 genome using Gentyx software in order to find out what the genotypes of DENV 2 serotypes are.

This research was designed in cross sectional study, taking place in Jakarta 2010. The samples were taken from DHF patients whose blood serum was tested by RT-PCR. The population sample were suspected DHF patient from 5 cities in Jakarta with their ages ranging from 14 to 60 years old. The study is conducted to evaluate the dengue patient's characteristics and genotype of dengue viruses. Moreover, we designed the primer to amplify and sequence Indonesian strain dengue virus genomes.

The result demonstrated that women have slightly higher numbers of confirmed DHF than male. DENV 2 is found to be the most circulating serotype in Jakarta. In addition 14 to 20 years old was the most predominant among all of age groups. It was suggested to conduct more research of DENV 2 in Indonesia using wider

coverage of province and also larger numbers of samples.</i>