

Analisis Sekuens dan Filogenetik UTR Virus Dengue Serotipe-1 Strain Indonesia untuk Pengembangan Antiviral Berbasis Molekuler = Sequence and Phylogenetic Analysis of UTR Dengue Virus Serotype-1 Strain Indonesia for Molecular-Based Antiviral Development / Paulina Livia Tandijono

Paulina Livia Tandijono, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20411725&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Tingginya angka infeksi virus dengue (DENV) di Indonesia merupakan masalah kesehatan yang masih belum tertangani. Pengobatan infeksi DENV hingga saat ini masih mengandalkan imunitas penderita. Berbagai jenis antiviral DENV sedang dikembangkan, salah satunya menggunakan rekayasa genetika berbasis sekuens untranslated region (UTR). Namun data mengenai UTR DENV masih sedikit. Oleh karena itu, penulis melakukan penelitian untuk menganalisa sekuens dan filogenetik UTR DENV-1. Dalam penelitian ini, dua strain Indonesia dibandingkan dengan 25 strain dari GenBank menggunakan program Genetyx 5.1. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa terdapat beberapa sekuens yang lestari, sehingga memenuhi kriteria sebagai target siRNA, yaitu 3'UAR, CS1, CS2, dan RCS2. Sementara sekuens 5' UTR tidak memenuhi syarat siRNA karena ditemukan perubahan pada beberapa strain, termasuk strain Indonesia. Filogenetik menggunakan UTR tidak sesuai dengan filogenetik envelope dan tidak dapat digunakan untuk menjelaskan pola penyebaran DENV-1.

<hr>

ABSTRACT

High prevalence of dengue virus (DENV) infection still become an unresolved issue in Indonesia. Treatment for DENV infection relies heavily on natural immunity. Various DENV antivirals are on development, one of them is untranslated region (UTR)-sequence-based. However, there is only a few number of data available on UTR DENV. Therefore, this research was done to analyze the sequence and phylogenetic of UTR DENV-1. Two Indonesia strains were compared with 25 strains from GenBank using the Genetyx 5.1 program. There are four conserved sequences that fill criteria as siRNA targets, which are 3'UAR, CS1, CS2, and RCS2. 5'UTR sequence does not fill the siRNA criteria because mutations were found within some strains, including Indonesia strains. Phylogenetic using UTR does not fit envelope phylogenetic and can not be used to explain the DENV-1 pattern.