

# 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  $\pm 83.000$  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 sekuen tinggi untuk membedakan tiap spesies Aspergillus, namun studi mengenai profil sekuenya pada isolat penderita CPA pasca tuberkulosis di Indonesia belum ditemukan laporannya. Penelitian ini menggunakan gen CaM untuk dianalisis sekuen DNA-nya sekaligus mengidentifikasi dan memantau spesies Aspergillus dari 31 isolat spesimen klinis pasien CPA beriwayat 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 sekuesing DNA. Hasil menunjukkan sekuen 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 beriwayat tuberkulosis paru-paru di Jakarta, Indonesia.

.....The number of chronic pulmonary aspergillosis (CPA) cases in Indonesia reached a prevalence number  $\pm 83.000$  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.