

## Dasar molekuler kegagalan deteksi serologis hepatitis B

Meta Dewi Tedja, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=72366&lokasi=lokal>

---

### Abstrak

Ruang lingkup dan Cara penelitian: Virus Hepatitis B (VHB) merupakan penyebab tersering hepatitis kronik, sirosis hepatis dan karsinoma hepatoselular di negara-negara Asia Tenggara.

VHB merupakan virus DNA berukuran 3,2 kb, mempunyai untai ganda dengan susunan genom yang kompak dan sating tumpang tindih. Materi genetik VHB tersimpan dalam 4 Open Reading Frames pada untai negatif. Transmisi VHB terjadi melalui kontak dengan darah, komponen darah atau cairan tubuh lainnya. Diagnosis infeksi VHB didasarkan adanya HBsAg dalam serum. Hilangnya HBsAg dan terbentuknya anti-HBs merupakan petanda eliminasi virus. Namun demikian mutasi yang terjadi pada gen penyandi HBsAg mengakibatkan perubahan antigenisitas HBsAg sehingga virus lolos dari pemeriksaan yang menggunakan antibodi monoklonal terhadap HBsAg. Untuk mengetahui perubahan molekuler pada gen penyandi HBsAg maka dilakukan penelitian program magister ini dengan tujuan umum untuk mengetahui dasar molekuler kegagalan deteksi serologi HBsAg pada serum donor darah di Indonesia. Untuk itu dilakukan isolasi DNA VHB, ligasi ke vektor dan transformasi ke bakteri E.coli, dilanjutkan dengan reaksi sekuensing yang hasilnya dianalisis dengan perangkat bioinformatika.

Hasil dan kesimpulan: Pada serum donor darah dengan HBsAg (-), anti-HBs (-) dan anti-HBc (+) berhasil didapat DNA VHB pada 20 (29,9%) dari 67 sampel; pada donor darah dengan HBsAg (-), anti-HBs (+) dan anti-HBc (+) didapat DNA VHB pada 5 (7,5%) dari 67 sampel. Sehingga jumlah total DNA VHB (+) didapat pada 25 (8,1%) dari 309 sampel dengan HBsAg (-). Pada sekuensing determinan 'a' gen S DNA VHB didapat 7 (28%) dari 25 sampel menunjukkan mutasi asam amino. Terdapat 3 pola substitusi asam amino: pola pertama substitusi M I 33L sebanyak 1 (4%) dari 25 sampel, pola kedua T123A sebanyak 1 (4%) dari 25 sampel, dan pola ketiga T143M sebanyak 5 (20%) dari 25 sampel. Semua virus; termasuk dalam sub tipe adw.

Pada studi bioinformatika, substitusi ini menyebabkan terjadinya penurunan nilai indeks antigenisitas asam amino yang bersangkutan dan asam amino yang berada di sekitarnya. Substitusi asam amino pada gen S mengakibatkan terjadinya perubahan sekuens gen P daerah reverse transkriptase yang tumpang tindih dengan gen S.