

**PENCIRIAN KAWASAN GEN POLIMERASE (*POL*) RETROVIRUS SCLEROSIS
BERGANDA (MSRV) DENGAN MENGGUNAKAN
PROGRAM RETROTECTOR**

JUINAH YANAM

**DISERTASI INI DIKEMUKAKAN UNTUK MEMENUHI
SEBAHAGIAN DARIPADA SYARAT MEMPEROLEHI IJAZAH SARJANA
MUDA SAINS DENGAN KEPUJIAN**

**PERPUSTAKAAN
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH**

**PROGRAM BIOTEKNOLOGI
SEKOLAH SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH**

2007



UMS
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

ABSTRAK

Objektif bagi kajian ini adalah untuk mencirikan bahagian *pol* HERV-MSRV dengan menggunakan program RetroTector. Pencirian yang dilakukan adalah berdasarkan kepada motif-motif terpelihara yang ada di dalam bahagian *pol* tersebut. Selain itu, cara-cara pemasangan dan penggunaan serta kelebihan dan kelemahan RetroTector juga turut dikaji. Terdapat 5 langkah utama yang terlibat dalam kajian ini, iaitu mendapatkan motif-motif terpelihara secara manual daripada bank gen sebagai langkah pertama, dan diikuti dengan langkah kajian tentang keperluan dan cara-cara pemasangan RetroTector ke dalam sistem komputer. Seterusnya adalah mendapatkan motif-motif terpelihara dengan menggunakan program RetroTector. Selepas itu, motif-motif terpelihara yang diperolehi secara manual dengan motif-motif terpelihara yang diperolehi melalui program RetroTector dibandingkan. Sebagai langkah terakhir, ujian sensitiviti program RetroTector dijalankan. Didapati bahagian *pol* MSRV mengandungi sembilan jenis motif terpelihara. Iaitu dua motif pada gen protease, enam motif pada gen RT dan satu motif pada gen integrase. Motif-motif terpelihara yang diperolehi melalui RetroTector adalah hampir sama dengan motif-motif terpelihara yang diperolehi secara manual daripada bank gen, terutamanya motif terpelihara bagi gen protease dan gen integrase. Bagi gen transkriptase berbalik, terdapat sedikit perbezaan dimana motif terpelihara bagi domain kedua, iaitu QDLR, yang diperolehi secara manual tidak diperolehi melalui RetroTector. Sebaliknya, satu motif lain, iaitu GYKVSQPKAR, telah diperolehi. Secara keseluruhannya, program RetroTector, apabila digabungkan dengan kaedah manual, berpotensi menjadi salah satu perkakas bioinformatik yang penting yang dapat memberi banyak kelebihan kepada penggunaanya dalam mencirikan retrovirus endogenus manusia.



ABSTRACT

The objective of this project is to characterize the *pol* region of HERV-MSRV with RetroTector program. Characterization is done based on the conserved motif that can be found in the *pol* region. Beside that, the installation procedures, applications and the advantages and disadvantages of RetroTector were also studied. There are 5 major steps involved in this study. The first step is to get the conserved motif manually from the genbank. This was followed by the investigation on how to install the RetroTector program into a computer system. Subsequently, conserved motifs were searched using the RetroTector program which was installed in a computer. After that, the motifs that were found manually and by RetroTector were compared. Finally, the sensitivity of the RetroTector program was observed. From this study, there were 9 types of conserved motifs found in the *pol* region of retrovirus, which two motifs belong to protease, six motifs belong to RT and one motif belongs to integrase. It was found that the conserved motif obtained from RetroTector were nearly the same with conserved motif found manually through the GENBANK, especially conserved motif for protease and integrase. For RT, there was a little difference, which conserved motif for domain two, QDLR, was found manually, was not found by RetroTector. Conversely, another motif, GYKVSFKPKAR, was found by RetroTector. In conclusion, RetroTector program, when combined with manual method, has a potential to be one of the useful bioinformatics tools used to characterize the human endogenous retrovirus.

