

**ANALISA VARIASI MOLEKULER GEN E5
Human Papillomavirus (HPV) DARI ISOLAT PENDERITA KANKER SERVIKS**

**DENSI SELPIA SOPIANTI, MARLINA, ANDANI EKA PUTRA
Fakultas Farmasi, Fakultas Kedokteran, Universitas Andalas , Kode Pos 25163,
Padang, Indonesia**

ABSTRAK

Human papillomavirus (HPV) merupakan agen infeksius epitel serviks. Studi epidemiologis menunjukkan bahwa agen penyebab utama kanker serviks salah satunya adalah HPV type 18. Sedangkan protein virus yang beresiko tinggi yang menyebabkan karsinogen yang telah banyak diteliti yaitu gen E5, E6 dan E7. Beberapa penelitian juga menyatakan bahwa ekspresi E5 mampu menginduksi kanker serviks. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan variasi molekuler dari hasil *sequencing human papillomavirus* dan untuk melihat kekerabatan HPV type 18 gen E5 dari isolat penderita kanker serviks.

Sampel berasal dari berbagai sumber di Sumatra Barat dan Riau dan merupakan koleksi pusat penelitian HPV Universitas Andalas yang telah mendapatkan approval dari tim etik Universitas Andalas. Penelitian ini menggunakan koleksi sampel biologi, sehingga tidak memerlukan kajian etik ulangan. Isolasi DNA HPV type 18 sebanyak 15 sampel dengan menggunakan *polymerase chain reaction* (PCR). Dilanjutkan proses *sequencing*. Analisis hasil *sequencing* menggunakan program BioEdit, NCBI BLAST, CLUSTAL X versi 2.1 untuk melihat variasi molekuler dan analisis kekerabatan menggunakan program MEGA versi 6.06 dengan pembandingan menggunakan *reference sequence* HPV 18 NC_001357.

Sampel yang terdeteksi gen target E5 HPV type 18 sebanyak 9 sampel (60%). Tidak terapat satupun variasi molekuler pada hasil sekuen gen E5 HPV type 18 bila dibandingkan dengan *reference sequence* dengan persamaan homolog 100%. Kekerabatan gen E5 HPV type 18 berkerabat dekat dengan 8 referensi standar dari NCBI dengan persamaan jarak genetik 100% yang berasal dari isolate Asia dan Asia-Amerika.

Kata kunci: Kanker serviks, Gen E5 HPV type 18, variasi molekuler, kekerabatan.