

Analisis Filogenetik Gen L1 Human Papillomavirus 16 pada Penderita Kanker Serviks di Bandung

Fitri Rahmi Fadhilah,¹ Edhyana Sahiratmadja,^{2,3} Ratu Safitri,⁴ Ani Melani Maskoen,^{2,3} Herman Susanto,⁵
¹Departemen Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Padjadjaran, ²Departemen
Biokimia Fakultas Kedokteran Universitas Padjadjaran, ³Pusat Studi Onkologi Fakultas Kedokteran Universitas
Padjadjaran, ⁴Departemen Kebidanan Fakultas Kedokteran Universitas Padjadjaran

Abstrak

Infeksi human papillomavirus (HPV) tipe *high risk* (hr) yang kronis dapat menyebabkan kanker serviks. Berbagai genotipe hrHPV telah teridentifikasi dan HPV-16 merupakan genotipe yang tersering menginfeksi serviks. Fragmen L1 HPV dapat digunakan untuk mengidentifikasi asal usul HPV. Tujuan penelitian ini adalah mengeksplorasi asal usul HPV-16 dengan membuat pohon filogenetik. Metode penelitian yang digunakan adalah metode deskriptif analisis. Penelitian dilakukan di Laboratorium Genetika Molekuler Unit Penelitian Kesehatan Fakultas Kedokteran Universitas Padjadjaran Bandung pada Februari hingga Agustus 2013. Isolat biopsi dari pasien kanker serviks disumbangkan oleh Departemen Kebidanan Fakultas Kedokteran Universitas Padjadjaran, Bandung. Isolasi DNA dibuat dari biopsi jaringan kanker serviks dan fragmen L1 diamplifikasi dengan desain primer sendiri. Infeksi dengan HPV-16 dikonfirmasi dengan *Linear Array test* (Roche). Sekuens urutan basa kemudian dimasukkan dalam program filogenetik (MEGA5). Hasil konstruksi menunjukkan isolat pasien kanker serviks dari Bandung berada dalam satu subgrup dengan HPV asal Asia dan Asia Timur. Simpulan, cluster HPV Indonesia berada pada galur Asia dan Asia Timur. [MKB. 2015;47(3):174-78]

Kata kunci: Filogenetik, fragmen L1, human papillomavirus 16 (HPV-16)

Phylogenetic Analysis of Human Papillomavirus 16 L1 Gene from Cervical Cancer Patient in Bandung

Abstract

Chronic infection with high-risk (hr) human papillomavirus (HPV) can lead to cervical cancer. Various hrHPV genotypes have been identified and HPV genotype 16 is the most common genotypes that infect cervical cancer. HPV L1 fragment can identify the origin of HPV. The purpose of this study was to explore the origins of HPV-16 by making a phylogenetic tree. This study used analytical descriptive method and was conducted at the Laboratory of Molecular Genetics, Health Research Unit, Faculty of Medicine, Universitas Padjadjaran Bandung in the period of February to August 2013. Biopsy from cervical cancer patient was donated by the Department of Obstetrics, Faculty of Medicine, Universitas Padjadjaran, Bandung. Isolation of DNA was prepared from the biopsies of cervical cancer and L1 fragment was amplified with the specific primer. Infection with HPV-16 was confirmed by *Linear Array test* (Roche) design. The sequence then was constructed using the phylogenetic program (MEGA5). Results showed that the isolate from patient with cervical cancer from Bandung was in the same subgroup with HPV from Asia and East Asia. In conclusion, cluster HPV of Bandung is in the same strain as strain in Asia and East Asia. [MKB. 2015;47(3):174-78]

Key words: Human papillomavirus 16 (HPV-16), L1 fragment, phylogenetic