

# Studi bioinformatika gen human papillomavirus (HPV) sebagai salah satu langkah pengembangan alat deteksi dini kanker mulut rahim

Siagian, Hulman, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179798&lokasi=lokal>

---

## Abstrak

Kanker mulut rahim adalah kanker yang paling banyak terjadi diantara semua jenis kanker yang ada dan merupakan penyebab angka kematian terbesar di dunia termasuk di Indonesia. Penyebab utama kanker mulut rahim adalah Human Papilloma Virus (HPV), virus yang termasuk dalam kelompok papova virus. Tindakan yang umum dilakukan pada pencegahan dan pengobatan kanker mulut rahim dilakukan dengan mengamati perkembangan sel kanker mulut rahim dengan metode pap smear. Perkembangan terakhir

adalah pengembangan Hybrid Capture, kit pendeteksi kanker mulut rahim dengan memonitoring virus HPV penyebab kanker tersebut yang mendeteksi materi genetik HPV penyebab kanker mulut rahim. Terobosan ini menjadi sangat menjanjikan seiring perkembangan bioteknologi dan bioinformatik yang sangat pesat pada tahun-tahun terakhir. Pada penelitian ini dilakukan studi bioinformatik pada genom HPV dan desain primer yang selektif hanya terhadap tipe HPV penyebab kanker mulut rahim untuk selanjutnya digunakan sebagai pengganti probe pada modifikasi Hybrid Capture. Metode yang digunakan adalah dengan melakukan serangkaian multiple alignment terhadap genom HPV untuk mencari conserve region spesifik. Conserve region ini akan digunakan sebagai template perancangan primer. Multiple alignment dilakukan terhadap genom HPV yang terlebih dulu dikelompokkan menurut tempat hidup virus dan keterkaitan virus dengan kanker mulut rahim. Conserve region hasil multiple alignment dari masing-masing-kelompok kemudian dipisahkan dari sekuens genom totalnya dan selanjutnya dilakukan

multiple alignment terhadap conserve region yang didapat pada masing-masing kelompok HPV untuk mendapatkan conserve region spesifik.

Keseluruhan proses multiple alignment yang dilakukan menghasilkan 6 conserve region yang spesifik hanya dimiliki oleh kelompok virus penyebab kanker mulut rahim {genital high-risk cancer dan genital low-risk cancer} dengan ukuran sekuens yang beragam. Kemudian enam conserve region tersebut digunakan sebagai template perancangan primer spesifik terhadap tipe virus penyebab kanker mulut rahim. Terhadap kandidat primer hasil rancangan menggunakan enam conserve region yang dihasilkan, dilakukan uji selektivitas dengan menggunakan BLAST pada database sehingga didapatkan satu conserve region terbaik dengan ukuran 117pb yang

menghasilkan 3 primer yang memiliki selektivitas tertinggi diantara kandidat primer yang didapat.