

# **ANALYSIS ON MOLECULAR AND PHYLOGENETICS VARIETIES OF GENE E7 FROM HPV ISOLATE OF CERVICAL CANCER PATIENTS**

## **ABSTRACT**

This study was designed to analyze the genetic variations that may occur in HPV18 E7 gene. Samples isolates obtained from HPV Research Center Faculty of Medicine, University of Andalas coming from various areas in Padang and Pekanbaru. HPV18 E7 isolates were sequenced and analyzed subsequently constructed phylogeny tree. Of the five isolates were analyzed, there were two silent mutation (C162T / Alanine) in the samples HPV18M8, HPV18M11 and one missense mutation (G158A / Arginine / Glutamine at amino acid position 47 (R47Q)) in the samples HPV18M12. While the sample HPV18M4 and HPV18M15 relatively stable. Based on the analysis of the phylogeny tree, HPV18M4, HPV18M12 and HPV18M15 including Asian-American lineage with a mean distance of 0.006 while HPV18M8 and HPV18M11 including European lineage with a mean distance of 0,036. African variants not found on five isolates the sample used in this study. Further studies of the potential oncogenic mutation R47Q.

## **ANALISA VARIASI MOLEKULER DAN FILOGENETIK GEN E7 ISOLAT HPV18 DARI PENDERITA KANKER SERVIKS**

## **ABSTRAK**

Penelitian ini dirancang untuk menganalisa variasi genetik yang mungkin terjadi pada gen E7 HPV18. Isolat Sampel diperoleh dari Pusat Penelitian HPV Fakultas Kedokteran Universitas Andalas yang berasal dari berbagai daerah di Padang dan Pekanbaru. Isolat HPV18 E7 disequensing kemudian dianalisa selanjutnya dibangun pohon filogeni (kekerabatan). Dari lima isolat yang dianalisa, terdapat dua *silent mutation* (C162T/Alanin) pada sampel HPV18M8, HPV18M11 dan satu *missense mutation* (G158A/Arginin/Glutamin pada posisi asam amino 47 (R47Q)) pada sampel HPV18M12. Sedangkan pada sampel HPV18M4 dan HPV18M15 relatif stabil. Berdasarkan analisa pohon filogeni, HPV18M4, HPV18M12 dan HPV18M15 termasuk *lineage* Asia-Amerika dengan *mean distance* 0,006 sedangkan HPV18M8 dan HPV18M11 termasuk *lineage* Eropa dengan *mean distance* 0,036. Tidak ditemukan varian Afrika pada lima isolat sampel yang digunakan dalam penelitian ini. Perlu penelitian lebih lanjut terhadap potensi onkogenik dari mutasi R47Q.