

BAB I

PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Karsinoma serviks merupakan jenis karsinoma yang paling banyak diderita oleh wanita di berbagai negara berkembang dan merupakan masalah kesehatan utama diseluruh dunia. Penelitian secara biologi molekuler menunjukkan bahwa *Human Papilloma virus* (HPV) berperan dalam patogenesis Karsinoma serviks dan virus ini dapat ditularkan melalui hubungan seksual (*Sexually transmitted disease*) (Jastreboff and Cymet, 2002).

Infeksi HPV mempunyai potensi yang dapat menyebabkan transformasi keganasan. Peningkatan ekspresi E6 dan E7 ini diketahui telah memicu terjadinya transformasi keganasan dari sel hospes dan terbentuknya tumor (Bosch *et al.*, 2002; Motoyama *et al.*, 2004).

Van Duin *et al* (2000) dan Yamada *et al* (1997) melaporkan bahwa berdasarkan analisis sekuen, bila dibandingkan dengan HPV 16 referensi, banyak ditemukan perubahan urutan nukleotida HPV tipe 16 terutama pada regio E6.

Sejauh ini, di Indonesia pernah dilakukan analisis sekuensing terhadap protein E6 dari HPV tipe 16 pada penderita Karsinoma serviks yang dirawat di Rumah Sakit Dr. Cipto Mangunkusumo Jakarta. Untuk mengkonfirmasi keberadaan protein E6 HPV tipe 16 dan urutan nukleotida serta variasinya pada jaringan penderita Karsinoma serviks, dalam penelitian ini dilakukan analisis terhadap gena penyandi protein E6 virus HPV dari penderita Karsinoma serviks yang dibiopsi dan di operasi di RSUP Dr. Sardjito Yogyakarta dari Oktober 2007- November 2008.

1.2. Perumusan Masalah

Berdasar latar belakang diatas disusunlah rumusan masalah :

1. Bagaimana urutan nukleotida gena penyandi protein E6 HPV tipe 16 dari penderita Karsinoma serviks di RSUP Dr. Sardjito Yogyakarta.
2. Apakah terdapat perbedaan (varian) urutan asam amino pada posisi tertentu dari jaringan yang diteliti dibandingkan dengan sekuen yang diperoleh dari bank data.

1.3. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan :

1. Untuk mengetahui urutan nukleotida gena penyandi protein E6 *Human Papillomavirus* tipe 16 pada penderita Karsinoma serviks di RSUP Dr.Sardjito Yogyakarta
2. Untuk melihat ada tidaknya variasi urutan nukleotida dengan membandingkan urutan nukleotida gena penyandi protein E6 *Human Papillomavirus* tipe 16 penderita Karsinoma serviks RSUP Dr. Sardjito Yogyakarta dengan protein E6 HPV 16 referensi yang diperoleh dari bank data.

1.4. Faedah yang Diharapkan

Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat dijadikan data dan sumber informasi mengenai urutan gena penyandi E6 HPV tipe 16 serta variasinya, apakah variasi yang ada mempengaruhi persistensi infeksi HPV dan progresifitas penyakit. Informasi ini dapat digunakan untuk membantu institusi kesehatan dalam memonitor perkembangan Karsinoma serviks. Selain itu hasil dari penelitian ini dapat digunakan sebagai referensi untuk penelitian selanjutnya yang berkaitan dengan HPV DNA.