

INTISARI

Latar Belakang: Karsinoma nasofaring (KNF) adalah jenis kanker kepala dan leher yang umum ditemukan di Asia Tenggara, termasuk Indonesia. Deteksi dini KNF sulit dilakukan karena gejalanya yang tidak spesifik, menyebabkan banyak kasus terdiagnosis pada stadium lanjut. Faktor risiko utama KNF termasuk predisposisi genetik dan infeksi Virus Epstein-Barr (EBV). Teknologi transkriptomik memungkinkan identifikasi biomarker molekuler, salah satunya gen *CACNA1G*, yang menunjukkan peningkatan ekspresi pada berbagai jenis kanker. Namun, peran spesifik gen *CACNA1G* dalam perkembangan KNF masih belum banyak diteliti.

Tujuan: Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis ekspresi mRNA *CACNA1G* pada pasien KNF dibandingkan dengan pasien nasofaringitis non-malignansi sebagai kontrol, serta mengevaluasi hubungan antara ekspresi gen ini dengan stadium klinis KNF.

Metode: Desain penelitian ini adalah observasional analitik potong lintang. Sampel terdiri dari jaringan biopsi nasofaring pasien KNF dan sel hasil *brushing* nasofaring pasien nasofaringitis non-malignansi. RNA diekstraksi, disintesis menjadi cDNA, dan dianalisis ekspresi gen *CACNA1G* menggunakan qRT-PCR dengan β -*actin* sebagai gen internal kontrol. Analisis data dilakukan dengan metode $2^{-\Delta\Delta C_t}$ dan uji *Mann-Whitney* dengan tingkat signifikansi $p < 0,05$.

Hasil: Penelitian ini menunjukkan bahwa ekspresi gen *CACNA1G* pada kelompok KNF meningkat secara signifikan ($7,73 \pm 0,25$) dibandingkan kelompok kontrol ($1 \pm 0,04$) dengan $p = 0,00$. Variasi ekspresi gen *CACNA1G* lebih besar pada stadium III dan IV, namun tidak ditemukan perbedaan signifikan antara keduanya. Gen *CACNA1G* diperkirakan berperan dalam perkembangan kanker nasofaring melalui kanal CaV3.1, meskipun mekanisme molekuler yang mendasari peran ini masih perlu penelitian lebih lanjut.

Kesimpulan: Ekspresi gen *CACNA1G* pada pasien kanker nasofaring secara signifikan lebih tinggi dibandingkan pasien nasofaringitis non-malignansi. Namun, tidak ditemukan hubungan signifikan antara ekspresi gen *CACNA1G* dengan stadium klinis KNF. Penelitian lebih lanjut dengan jumlah subjek yang lebih besar di kanker kepala dan leher lainnya diperlukan untuk mengevaluasi potensi *CACNA1G* sebagai biomarker spesifik KNF.

Kata Kunci: *CACNA1G*, KNF, Stadium Klinis, qRT-PCR, Biomarker.

ABSTRACT

Background: *Nasopharyngeal carcinoma (NPC) is a common head and neck cancer in Southeast Asia, including Indonesia. Early detection remains challenging due to nonspecific symptoms, leading to late-stage diagnoses. Genetic predisposition and Epstein-Barr Virus (EBV) infection are key risk factors. Transcriptomic technologies have enabled the identification of molecular biomarkers, including the CACNA1G gene, which shows elevated expression in various cancers. However, its specific role in NPC progression remains underexplored.*

Objective: *This study aimed to analyze CACNA1G mRNA expression in NPC patients compared to non-malignant nasopharyngitis controls and to evaluate its association with NPC clinical staging.*

Methods: *This cross-sectional analytic observational study included nasopharyngeal biopsy samples from NPC patients and brushing samples from non-malignant nasopharyngitis patients. RNA was extracted, reverse-transcribed into cDNA, and CACNA1G gene expression was quantified using qRT-PCR, with β -actin as an internal control gene. Data were analyzed using the $2^{-\Delta\Delta C_t}$ method and the Mann-Whitney test with a significance level of $p < 0.05$.*

Results: *CACNA1G expression was significantly higher in the NPC group (7.73 ± 0.25) compared to the control group (1 ± 0.04) with $p = 0,00$. Expression variability was greater in clinical stages III and IV, although no significant difference was observed between these stages. CACNA1G is presumed to contribute to NPC progression through the CaV3.1 channel, although its molecular mechanism requires further investigation.*

Conclusion: *CACNA1G gene expression is significantly elevated in NPC patients compared to non-malignant controls. However, no significant association was found between CACNA1G expression and NPC clinical staging. Further research involving a larger cohort of patients with various head and neck cancers is warranted to assess the specificity of CACNA1G as a biomarker for nasopharyngeal carcinoma.*

Keywords: *CACNA1G, NPC, Clinical Stage, qRT-PCR, Biomarker.*