

Di seluruh dunia angka kejadian karsinoma payudara meningkat setiap tahun dan merupakan penyebab kematian utama, sedangkan di Indonesia karsinoma payudara menempati urutan kedua setelah kanker leher rahim. Selain mutasi, ditemukan juga sejumlah mekanisme lain yang memicu munculnya karsinoma payudara diantaranya ialah peristiwa epigenetik seperti hipermetilasi pada daerah promoter suatu *tumor suppressor gene*. Salah satu *tumor suppressor gene* yang berperan penting terhadap munculnya karsinoma payudara adalah *BRCA1* yang merespon dan memperbaiki kerusakan DNA. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui hubungan metilasi promoter *BRCA1* dengan gambaran klinikopatologis berupa usia, status menopause, stadium klinis dan derajat histologis kanker pasien karsinoma payudara.

DNA sel tumor dari 50 orang pasien karsinoma payudara yang datang ke RSUP Dr. Sardjito dengan gambaran klinikopatologis yang berbeda-beda diperiksa dengan menggunakan *Methylation Specific-Polymerase Chain Reaction* (MS-PCR) untuk mengetahui ada tidaknya metilasi pada promoter gen *BRCA1*. Hubungan gambaran klinikopatologis dengan metilasi *BRCA1* dianalisis menggunakan analisis *chi square*.

Metilasi *BRCA1* terjadi pada enam dari 50 sampel (12%). Dari hasil tersebut tidak ada korelasi yang signifikan antara status metilasi *BRCA1* dengan usia pasien ($p=0,093$), status menopause ($p=0,1$), stadium klinis ($p=0,1$) maupun derajat histologis kanker ($p=0,82$) pasien karsinoma payudara.

Kata Kunci : *Karsinoma Payudara; Hipermetilasi; BRCA1; Usia; Menopause; Stadium; Derajat histologis*

ABSTRACT

Breast cancer incidence is increasing every year throughout the world. It is the second cause of death among Indonesian female after cervical cancer. Nowadays there are several others mechanism besides genetic mutation that can cause malignancy. One of the mechanism is epigenetic process such as hypermethylation in promoter region of the *tumor suppressor gene*. One of the *tumor suppressor genes* is *BRCA1* which has important roles in responding and initiating DNA break repair. The aim of this study is to observe association between methylation status of *BRCA1* and clinicopathological features of breast cancer patients.

Tumor cells DNA from 50 Indonesian female from Sardjito Hospital Yogyakarta with different clinicopathological features were examined using Methylation Specific-Polymerase Chain Reaction to observe methylation in promoter region of *BRCA1*. The correlation between *BRCA1* methylation and its clinicopathological features will be analyzed with *Chi square* analysis.

BRCA1 methylation was found in six out of 50 samples (12%). There is no significant correlation between *BRCA1* methylation status with age ($p=0,093$), menopausal status ($p=0,1$), clinical staging ($p=0,1$), and histological grading ($p=0,82$) in breast cancer patients.

Keyword : *Breast cancer; Hypermethylation; BRCA1; Age; Menopause; Staging; Grading*