Analisis Ekspresi hsa-miR-15b-5p sebagai Kandidat Biomarker dan Regulasinya terhadap VEGFA pada
Kanker Payudara HR+/HER2-
Reza Adhi Pratama, Prof. dr. Sofia Mubarika Haryana, M.Med.Sc, Ph.D; Dr.rer.nat. dr. Dyah Laksmi Dewi M.Sc., Sp.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Kanker Payudara Hormone Receptor Positive/Human Epidermal Growth Factor Receptor 2 Negative (HR+/HER2−) merupakan subtipe kanker payudara yang paling sering ditemukan. Meskipun memiliki prognosis yang relatif baik, sebagian pasien tetap mengalami kekambuhan akibat heterogenitas molekuler sehingga diperlukan biomarker yang lebih akurat. hsa-miR-15b-5p merupakan salah satu microRNA yang diprediksi berperan dalam kanker payudara dan berpotensi meregulasi *Vascular Endothelial Growth Factor A* (*VEGFA*), gen yang berperan penting dalam angiogenesis. Penelitian ini bertujuan menganalisis ekspresi relatif hsa-miR-15b-5p, ekspresi mRNA *VEGFA*, serta hubungan keduanya pada pasien kanker payudara HR+/HER2−.

Penelitian ini merupakan penelitian observasional analitik dengan rancangan *cross-sectional*. Ekspresi hsa-miR-15b-5p dianalisis dari plasma pasien menggunakan reverse transcription quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR) dengan cel-miR-39-3p sebagai kontrol internal, sedangkan ekspresi mRNA *VEGFA* dianalisis dari jaringan formalin-fixed paraffin-embedded (FFPE) menggunakan RT-qPCR dengan GAPDH sebagai kontrol internal. Analisis statistik dilakukan menggunakan nilai ΔCt dengan tingkat signifikansi $p<0,05$.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa ekspresi relatif hsa-miR-15b-5p pada pasien kanker payudara HR+/HER2− lebih rendah secara signifikan dibandingkan kelompok kontrol sehat ($p=0,0101$). Sebaliknya, ekspresi mRNA *VEGFA* tidak menunjukkan perbedaan yang bermakna antara kelompok kanker dan kontrol ($p=0,1353$). Analisis korelasi Pearson menunjukkan tidak terdapat hubungan yang signifikan antara ekspresi hsa-miR-15b-5p dan mRNA *VEGFA* ($r=-0,0132$; $p=0,9426$). Selain itu, ekspresi hsa-miR-15b-5p maupun *VEGFA* tidak berhubungan secara signifikan dengan karakteristik klinikopatologis pasien.

Penelitian ini menyimpulkan bahwa hsa-miR-15b-5p mengalami penurunan ekspresi pada pasien kanker payudara HR+/HER2− dan berpotensi menjadi kandidat biomarker molekuler. Namun, hsa-miR-15b-5p tidak menunjukkan hubungan dengan ekspresi *VEGFA* sehingga regulasi *VEGFA* pada subtipe ini diduga melibatkan mekanisme molekuler lain yang lebih kompleks.

Kata kunci: kanker payudara HR+/HER2−, hsa-miR-15b-5p, *VEGFA*, RT-qPCR, biomarker

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Analisis Ekspresi hsa-miR-15b-5p sebagai Kandidat Biomarker dan Regulasinya terhadap VEGFA pada
Kanker Payudara HR+/HER2-**
Reza Adhi Pratama, Prof. dr. Sofia Mubarika Haryana, M.Med.Sc, Ph.D; Dr.rer.nat. dr. Dyah Laksmi Dewi M.Sc., Sp.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Hormone receptor-positive/human epidermal growth factor receptor 2-negative (HR+/HER2−) breast cancer is the most common molecular subtype of breast cancer. Despite its favorable prognosis, disease recurrence remains a major clinical challenge, highlighting the need for reliable molecular biomarkers. hsa-miR-15b-5p has been predicted to play a role in breast cancer progression and may regulate vascular endothelial growth factor A (*VEGFA*), a key mediator of tumor angiogenesis. This study aimed to evaluate the relative expression of hsa-miR-15b-5p, the expression of *VEGFA* mRNA, and their association in HR+/HER2− breast cancer.

An analytical observational study with a cross-sectional design was conducted. Plasma samples were used to quantify hsa-miR-15b-5p expression by reverse transcription quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR) using miR-16-5p as the internal control, while *VEGFA* mRNA expression was measured from formalin-fixed paraffin-embedded (FFPE) tissues using GAPDH as the reference gene. Statistical analyses were performed using ΔCt values with a significance level of $p<0.05$.

The results demonstrated that hsa-miR-15b-5p expression was significantly downregulated in HR+/HER2− breast cancer patients compared with healthy controls ($p=0.0101$). In contrast, *VEGFA* mRNA expression showed no significant difference between cancer and control groups ($p=0.1353$). Pearson correlation analysis revealed no significant association between hsa-miR-15b-5p and *VEGFA* expression ($r=-0.0132$; $p=0.9426$). Furthermore, neither hsa-miR-15b-5p nor *VEGFA* expression was significantly associated with clinicopathological characteristics.

In conclusion, hsa-miR-15b-5p is downregulated in HR+/HER2− breast cancer and may serve as a potential molecular biomarker. However, its expression was not associated with *VEGFA* expression, suggesting that *VEGFA* regulation in this breast cancer subtype is likely mediated by more complex molecular mechanisms.

Keywords: HR+/HER2− breast cancer, hsa-miR-15b-5p, *VEGFA*, RT-qPCR, biomarker