

LAPORAN AKHIR PENELITIAN

SKEMA HIBAH PENELITIAN INTERNAL

Bidang Riset : Teknologi Kesehatan dan Obat



**ANALISA BIOINFORMATIKA GEN E1 DAN E2 DARI VIRUS HEPATITIS C (HCV)  
GENOTIPE 1, 2, 3 DAN 6 SEBAGAI KANDIDAT VAKSIN VIRAL-LIKE PARTTICLES**



Tahun Ke-1 dari rencana 1 tahun



**UNIVERSITAS ESA UNGGUL  
OKTOBER 2017**



HALAMAN PENGESAHAN  
LAPORAN AKHIR  
HIBAH PENELITIAN INTERNAL

Judul Penelitian

Universitas  
**Esa Unggul**  
Peneliti/Pelaksana  
Pengusul

: Analisa Bioinformatika Gen E1 dan E2 dari Virus Hepatitis C Genotipe  
1, 2, 3 dan 6 Sebagai Kandidat Vaksin Viral-Like Particles (VLP)<sup>tas</sup>

**Esa Unggul**



Tahun Pelaksanaan : Tahun ke-1 dari rencana 1 tahun  
Biaya Penelitian Keseluruhan : Rp 24.000.000,-

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**  
Dr. Aprilita Rina Yanti Eff, Apt. M.Biomed  
NIK. 215020572

Jakarta, 31 Oktober 2017

Pengusul,

Dr. Henny Saraswati, S.Si, M.Biomed  
NIK. 216040630

Universitas  
**Esa Unggul**

Mengetahui,  
Dekan/Ketua  
Universitas  
**Esa Unggul**  
Fakultas Ilmu Kesehatan  
Dr. Hasyim, S.E,M.M, M.Ed  
NIK.0201040164

Menyetujui,  
Ketua LP/LPPM  
Universitas  
**Esa Unggul**  
Dr.Hasyim, S.E,M.M, M.Ed  
NIK.0201040164

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

## RINGKASAN

Virus Hepatitis C (HCV) merupakan penyebab penyakit hepatitis. Penyakit ini cukup berbahaya dikarenakan besarnya angka penderita infeksi hepatitis kronis. Infeksi hepatitis kronis akan dapat berkembang menjadi sirosis dan kanker hati, hingga kematian. Angka kematian akibat kanker hati secara global cukup besar menyebabkan kanker hati menempati 10 besar penyebab kematian terbesar di dunia. Hal yang sama juga terjadi di Indonesia. Vaksin HCV sangat diperlukan untuk mencegah penularan infeksi HCV. Kesulitan yang dihadapi adalah banyaknya genotipe HCV yang beredar di dunia. Di Indonesia sendiri terdapat genotipe 1, 2, 3 dan 6 yang beredar. Vaksin HCV harus mampu memberikan proteksi terhadap infeksi beberapa macam genotipe. Oleh karena itulah, pengembangan vaksin HCV memerlukan waktu yang cukup lama. Salah satu pendekatan vaksin yang dirasakan akan memberikan proteksi yang adekuat adalah dengan vaksin VLP (*Viral-like Particles*). Protein E1E2 yang terdapat pada permukaan virus merupakan kandidat yang sangat baik untuk dijadikan sebagai bahan vaksin VLP karena memiliki imunogenesitas yang tinggi. Dalam penelitian ini dilakukan analisa bioinformatika terhadap gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6. Sekuen-sekuen gen-gen ini diperoleh melalui GenBank dan dianalisa lebih lanjut menggunakan beberapa perangkat lunak seperti BioEdit Sequence Alignment Editor, BLAST dan Primer BLAST. Berhasil didapatkan sekuen konsensus gen E1-E2 yang bisa digunakan dalam penelitian lanjutan. Didapatkan juga sekuen lestari dari gen E1 dan E2. Diharapkan hasil penelitian ini dapat digunakan lebih lanjut dalam pengembangan kandidat vaksin VLP HCV.

Kata kunci : HCV, vaksin VLP, gen E1, gen E2

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas ii  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

## PRAKATA

*Assalamu'alaikum warahmatullahi wabarakatuh*

Segala puji dan syukur saya panjatkan kepada Allah SWT, karena atas rahmat dan pertolongan-Nya saya dapat menyelesaikan penelitian dengan judul **ANALISA BIOINFORMATIKA GEN E1 DAN E2 DARI VIRUS HEPATITIS c (HCV) GENOTIPE 1, 2, 3 DAN 6 SEBAGAI KANDIDAT VAKSIN VIRAL-LIKE PARTICLES (VLP)**. Penelitian ini merupakan penelitian yang diajukan dalam skema hibah internal Universitas Esa Unggul.

Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan sumbangsih kepada negara terhadap pencegahan infeksi HCV yang meluas di Indonesia. Sedikit orang yang terinfeksi menyadari dirinya terinfeksi HCV dan tidak banyak pasien yang mendapatkan pengobatan yang memadai mendorong saya untuk melakukan penelitian ini. Semoga hasil penelitian ini dapat berguna bagi bangsa dan negara serta dilanjutkan ke penelitian-penelitian selanjutnya.

Terakhir, rasa terima kasih saya ucapkan kepada semua pihak yang tidak dapat saya sebutkan satu persatu.

*Wabillahi taufik wal hidayah, wassalamu'alaikum warahmatullahi wabarakatuh.*

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**  
Jakarta, Oktober 2017

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Henny Saraswati

Universitas  
**Esa Unggul**

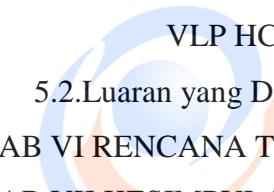
Universitas  
**Esa Unggul**  
iii

Universitas  
**Esa Unggul**

## DAFTAR ISI

HALAMAN PENGESAHAN .....	Halaman	i
RINGKASAN .....	Universitas	ii
PRAKATA.....	Esa Unggul	iii
DAFTAR ISI.....	Esa Unggul	iv
DAFTAR TABEL.....	Esa Unggul	vi
DAFTAR GAMBAR.....	Esa Unggul	vii
DAFTAR LAMPIRAN.....	Esa Unggul	viii
BAB I PENDAHULUAN .....	Esa Unggul	1
BAB II TINJAUAN PUSTAKA .....	Esa Unggul	3
BAB III TUJUAN DAN MANFAAT .....	Esa Unggul	5
BAB IV METODE PENELITIAN .....	Esa Unggul	6
4.1.Mendapatkan database gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 .....	Esa Unggul	6
4.2.Proses pensejajaran ( <i>alignment</i> ) gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1,2,3 dan 6..	Esa Unggul	9
4.3.Pensejajaran Sekuen Konsensus gen E1 dan E2 dengan seluruh Data Sekuen HCV Genotipe 1, 2, 3 dan 6 .....	Esa Unggul	11
4.4.Penentuan Daerah Lestari dari Sekuen Konsensus gen E1 dan E2 .....	Esa Unggul	12
4.5.Desain primer untuk konstruksi plasmid rekombinan kandidat vaksin VLP HCV .....	Esa Unggul	13
BAB V HASIL DAN LUARAN YANG DICAPAI.....	Esa Unggul	15
5.1.Hasil .....	Esa Unggul	15
5.1.1.Mendapatkan database gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 ....	Esa Unggul	15
5.1.2.Proses pensejajaran ( <i>alignment</i> ) gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1,2,3 dan 6 .....	Esa Unggul	17
5.1.3.Pensejajaran Sekuen Konsensus gen E1 dan E2 dengan seluruh Data Sekuen HCV Genotipe 1, 2, 3 dan 6 .....	Esa Unggul	18
5.1.4.Penentuan Daerah Lestari dari Sekuen Konsensus gen E1 dan E2 .....	Esa Unggul	20

5.1.5.Desain primer untuk konstruksi plasmid rekombinan kandidat vaksin VLP HCV .....	21
5.2.Luaran yang Dicapai .....	22
BAB VI RENCANA TAHAPAN BERIKUTNYA.....	23
BAB VII KESIMPULAN DAN SARAN.....	24
7.1.Kesimpulan .....	24
7.2.Saran .....	24
DAFTAR PUSTAKA .....	25



Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**



Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**



Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**



Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**



Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

## DAFTAR TABEL

		
Tabel 1. Data-data genom HCV yang digunakan dalam penentuan sekuen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6.....		Halaman Universitas <b>Esa Unggul</b> 16



## DAFTAR GAMBAR

Halaman	
Gambar 1. Halaman antar muka website ViPR ( <i>Virus Pathogen Resource</i> ).....	7
Gambar 2. Hasil pencarian genom Virus Hepatitis C genotipe 1, 2, 3 dan 6 .....	7
Gambar 3. Hasil pencarian genom HCV menemukan beberapa data genom yang dilengkapi dengan keterangan .....	8
Gambar 4. Hasil pencarian data genom lengkap HCV pada situs NCBI dengan menggunakan nomor akses GenBank .....	8
Gambar 5. Data sekuen gen E1 dan E2 yang diunduh dalam bentuk FASTA .....	9
Gambar 6. Proses penyusunan gen-gen E1 atau E2 yang berasal dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 pada posisi yang sejajar.....	9
Gambar 7. Hasil pencejajaran sekuen-sekuen gen E1 atau E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 dengan ClustalW pada perangkat lunak <i>BioEdit Sequence Alignment Editor</i> . ....	10
Gambar 8. Hasil pencejajaran gen E1 atau E2 dari beberapa genotipe dan sekuen konsensus yang berhasil didapatkan .....	11
Gambar 9. Halaman antar muka BLAST ( <i>Basic Local Alignment Search Tools</i> ) yang digunakan dalam proses pencejajaran sekuen konsensus dibandingkan dengan data genom pada GenBank.....	11
Gambar 10. Cara pencejajaran sekuen dengan BLAST.....	12
Gambar 11. Pencarian daerah sekuen lestari menggunakan perangkat lunak <i>BioEdit Sequence Alignment Editor</i> .....	12
Gambar 12. Penetapan kriteria pencarian sekuen lestari yang diinginkan .....	13
Gambar 13. Halaman antar muka situs Primer BLAST dari NCBI.....	14
Gambar 14. Proses perbandingan sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 1 .....	19
Gambar 15. Hasil perbandingan gen E2 antara sekuen konsensus dengan sekuen virus-virus HCV yang ada di dunia .....	20
Gambar 16. Posisi relatif pasangan-pasangan primer terhadap gen E1-E2 .....	22

## DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 1 .....	27
Lampiran 2. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 2 .....	29
Lampiran 3. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 3 .....	31
Lampiran 4. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 6.....	33
Lampiran 5. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 1 .....	35
Lampiran 6. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 2 .....	39
Lampiran 7. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 3 .....	43
Lampiran 8. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 6.....	46
Lampiran 9. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 1,2,3,6....	51
Lampiran 10. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 1,2,3,6...	53
Lampiran 11. Proses perbandingan sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 2,3,6 .....	56
Lampiran 12. Proses perbandingan sekuen gen E2 dengan seluruh database HCV genotipe 2,3,6 .....	58
Lampiran 13. Hasil penentuan daerah lestari untuk gen E1 .....	60
Lampiran 14. Hasil penentuan daerah lestari untuk gen E2 .....	64
Lampiran 15. Karakteristik pasangan primer untuk gen E1-E2 .....	69

## BAB I

### PENDAHULUAN

Virus Hepatitis C (HCV) merupakan penyebab penyakit sirosis dan kanker hati yang menjadi permasalahan kesehatan dunia. Dari keseluruhan penderita infeksi virus Hepatitis C akut, hanya sekitar 20% yang sembuh. Sedangkan sisanya akan berlanjut menjadi infeksi kronis dan beresiko tinggi untuk menjadi sirosis atau kanker hati. Secara global jumlah penderita hepatitis C kronis sekitar 130-150 juta orang. Sekitar 15-30% dari jumlah penderita kronis infeksi HCV ini akan mengalami sirosis (World Health Organization, 2016). Di Indonesia sendiri terdapat sekitar 28 juta penderita infeksi hepatitis B dan C, 14 juta orang di antaranya berpotensi menjadi kronis. Sebanyak 1,4 juta orang di antaranya berpotensi menderita sirosis (Pusdatin Kemenkes, 2014). Angka kematian karena infeksi virus Hepatitis C juga terlihat meningkat setiap tahunnya. Menurut data dari Global Burden of Disease Study, terdapat 330.000 kematian akibat infeksi Hepatitis C pada tahun 1990, kemudian menjadi 499.000 pada tahun 2010 dan 704.000 di tahun 2013.

Virus Hepatitis C merupakan virus RNA untai tunggal (ssRNA) yang termasuk dalam famili Flaviviridae. Genom virus Hepatitis C memiliki panjang 9,6 kb yang mengkode protein struktural (gen E1, E2, *core*) dan protein non struktural (gen NS2, NS3, NS4A, NS4B, NS5A dan NS5B). Protein struktural akan membentuk struktur virus Hepatitis C sedangkan protein non struktural akan berperan dalam proses pembentukan virus baru, seperti dalam pemecahan protein virus (protease). Virus Hepatitis C diklasifikasikan menjadi 11 genotipe (diberi nomor 1-11) dan beberapa subtipen (diberi nama a,b,c dst) dan sekitar 100 strain yang berbeda (diberi nomor 1,2,3 dst) berdasarkan heterogenitas sekuen genom (WHO, 2012). Genotipe 1a dan 1b merupakan tipe paling sering ditemui di dunia (60%), sedangkan di Asia Tenggara sendiri dapat ditemui genotipe 1, 2, 3 dan 6 (WHO, 2016).

Pencegahan penularan virus HCV bisa melalui vaksin. Namun, sayangnya vaksin untuk infeksi HCV saat ini belum tersedia. Penelitian pengembangan vaksin HCV telah dilakukan selama beberapa dekade. Berbagai pendekatan teknologi juga sudah dilakukan seperti pengembangan vaksin DNA, peptida sintetik, rekombinan protein, protein *core* dan protein *envelope*. Namun, beberapa tantangan yang ada menghambat terbentuknya vaksin dari beberapa

pendekatan ini. Salah satu tantangan yang dihadapi adalah variasi genetik HCV yang tinggi di seluruh dunia. Variasi genetik antara genotipe satu dengan yang lain sekitar 30%. Sehingga vaksin yang ada harus dapat menjangkau semua genotipe yang ada.

Salah satu pendekatan vaksin yang berpotensi untuk menjadi terapi profilaksis adalah vaksin VLP (*Virus-like Particles*). Vaksin VLP adalah vaksin yang berisi protein yang mirip dengan struktur virus asli serta memiliki imunogenesitas tinggi. Artinya, vaksin ini dapat menstimulasi respon imun yang mampu untuk mengeliminasi virus. Kelebihan dari VLP sebagai kandidat vaksin adalah lebih aman dan lebih murah dibandingkan dengan vaksin dengan pendekatan lain. Vaksin VLP terdiri dari protein struktural suatu pathogen. Pada virus Hepatitis C yang berpotensi untuk pembentukan vaksin VLP. Protein E1 dan E2 diketahui mampu menimbulkan respon imun humoral dan seluler yang adekuat pada beberapa hewan coba serta pada subyek penelitian orang sehat (tanpa infeksi HCV). Respon imun humoral (antibodi) yang ditimbulkan juga bersifat *cross-reactive*, artinya mampu memberikan proteksi terhadap beberapa infeksi HCV dari beberapa genotipe yang berbeda. Sehingga protein-protein ini sering digunakan sebagai kandidat vaksin profilaksis infeksi HCV.



## BAB II

### TINJAUAN PUSTAKA

Virus Hepatitis C (HCV) merupakan virus yang termasuk dalam famili Flaviviridae. Virus ini merupakan virus RNA positif dengan panjang 9,6 kb yang mengkode 3010 asam amino untuk 10 protein, berupa protein struktural dan non struktural. Protein-protein struktural antara lain protein core (C), envelope 1 (E1) dan envelope 2 (E2). Sedangkan protein non struktural terdiri atas NS1, NS2, NS3, NS4A, NS4B, NS5A dan NS5B. Dalam genom HCV terdapat daerah tidak ditranslasikan yang diberi nama NTR (*Nontranslated Region*) pada daerah 5' dan 3' (Ashfaq, 2011)

Glikoprotein HCV, yaitu E1 dan E2, sangat berperan dalam proses masuknya virus ke dalam sel. Oleh karena itu protein ini juga sangat penting menjadi target dalam pembentukan molekul antivirus yang cara kerjanya menghalangi masuknya virus ke dalam sel. Terdapat daerah dengan sekuen bervariasi pada protein E2 yaitu HVR1 dan HVR2 yang berperan dalam proses melawan respon imunitas tubuh, menghindar dari respon imun. Karena diekspresikan di permukaan virus, maka protein E1 dan E2 ini merupakan target bagi antibodi netralisasi. Pada penelitian terdahulu diketahui bahwa antibodi netralisasi dapat ditemukan pada pasien dengan infeksi kronis HCV. Selain itu, antibodi monoklonal juga telah mengenal daerah tertentu pada protein E2 (Dubuisson, 2007).

Virus Hepatitis C dapat dibagi menjadi beberapa genotipe (1-7) berdasarkan analisa filogenetik dan sekuen genomnya. Untuk genotipe yang sama terdapat perbedaan sekitar < 15% pada sekuen genomnya. Sedangkan antar genotipe terdapat 30-35% perbedaan pada sekuen genomnya (Messina, 2015; Ashfaq, 2011).

Virus HCV merupakan agen infeksi penyebab penyakit hepatitis kronis. Infeksi hepatitis kronis menyerang sekitar 170 juta orang di seluruh dunia dan menyebabkan sekitar 350.000 kematian setiap tahun secara global. Infeksi HCV pada awalnya akan menyebabkan infeksi akut yang berlanjut menjadi infeksi kronis pada sebagian besar kasus (80%). Infeksi kronis ini akan mengakibatkan proses peradangan pada hati yang lambat laun akan menjadi sirosis, gagal hati, karsinoma hepatoseluler dan kematian (Donato, 2016).

Pencegahan infeksi HCV sangat diperlukan dikarenakan hanya sekitar 30% pasien terinfeksi yang menyadari dirinya terkena infeksi dan hanya 10% yang mendapatkan pengobatan yang sesuai (Donato, 2016). Karakteristik vaksin HCV yang diperlukan adalah mampu memberikan proteksi terhadap infeksi HCV dengan beberapa genotipe dan menstimulasi respon imun adaptif selama masa infeksi akut. Terdapat beberapa pendekatan vaksin yang digunakan dalam proteksi terhadap infeksi HCV, di antaranya : vaksin virus rekombinan, vaksin *envelope* virus, protein *core*, vaksin peptida, vaksin vektor dan vaksin DNA. Namun, semua pendekatan vaksin ini belum memberikan hasil yang memuaskan dalam proteksi infeksi HCV. Salah satu pendekatan vaksin yang sedang dikembangkan adalah vaksin VLP (*Viral-like Particles*). Vaksin ini diyakini dapat memberikan stimulasi respon imunitas yang adekuat terhadap infeksi HCV dikarenakan struktur vaksin ini menyerupai virus asli. Respon imunitas yang dapat distimulasi terutama respon imun berupa antibodi dan respon sel yang spesifik terhadap HCV (Halliday, 2011).

Pada penelitian menggunakan simpanse terlihat adanya respon imun protektif setelah dilakukan penyuntikan dengan protein E1-E2 (Choo, 1994; Houghton, 1994). Sedangkan penelitian lain menggunakan individu dengan HCV negatif, memperlihatkan bahwa protein E1E2 dapat menstimulasi produksi antibodi dan sel limfosit spesifik terhadap HCV. Selain itu protein E1E2 relatif aman digunakan (Frey, 2010). Hasil-hasil ini memperlihatkan bahwa protein E1E2 sangat potensial untuk pengembangan vaksin HCV.



### BAB III

### TUJUAN DAN MANFAAT

Riset ini memiliki tujuan antara lain: (1) menentukan sekuen-sekuen lestari gen E1 dan E2 dari HCV genotipe 1, 2, 3 dan 6, (2) membentuk *template* yang dapat digunakan dalam desain primer DNA dan (3) menjadi penelitian awal yang diperlukan dalam penelitian lanjutan mengenai konstruksi plasmid rekombinan yang berpotensi menjadi kandidat vaksin VLP HCV. Hasil penelitian ini dapat digunakan dalam pengembangan vaksin VLP HCV yang sangat dibutuhkan di Indonesia dan dunia pada umumnya. Daya ungkit riset ini adalah penggunaan gen E1 dan E2 yang berasal dari beberapa subtipe HCV yang terdapat di Asia Tenggara, dimana Indonesia termasuk didalamnya. Subtipe yang dipilih adalah genotipe 1, 2, 3 dan 6. Gen E1 dan E2 dipilih karena protein ini bisa menimbulkan respon imun humoral dan seluler pada individu (bersifat imunogenik tinggi). Banyak penelitian menggambarkan adanya peran kedua peran respon imun tersebut untuk proteksi terhadap infeksi kronis atau juga dalam proses eliminasi virus Hepatitis C dari dalam tubuh. Manfaat yang didapatkan adalah terbentuknya sekuen konsensus kandidat vaksin VLP (*Viral-Like Particles*), dan dapat digunakan untuk pengembangan produksi vaksin preventif infeksi Hepatitis C dan tumbuhnya kemandirian bangsa melalui teknologi pengembangan vaksin. Sehingga Indonesia tidak lagi tergantung oleh pengembangan vaksin Hepatitis C dari negara lain. Hal ini akan berdampak juga terhadap posisi Indonesia di mata dunia yang akan sejajar dengan bangsa-bangsa maju lainnya, serta menaikkan harga tawar Indonesia di mata dunia.

## BAB IV

### METODE PENELITIAN

Pembentukan plasmid rekombinan kandidat vaksin VLP HCV memerlukan data dasar berupa gen E1 dan E2. Virus Hepatitis C memiliki banyak genotipe/subtipe. Pemilihan genotipe 1, 2, 3 dan 6 dikarenakan genotipe ini banyak ditemukan di Asia Tenggara, termasuk di Indonesia. Analisa bioinformatika yang dilakukan pada riset ini meliputi cara mendapatkan database sekuen gen E1 dan E2 dari sumber database, melihat variasi sekuennya, melakukan pensemajaran gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6, mendapatkan sekuen konsensus dari gen E1 dan E2 beberapa genotipe, serta melihat sekuen-sekuen lestari dari gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 Virus Hepatitis C. Cara kerja penelitian ini adalah sebagai berikut:

#### 4.1. Mendapatkan database gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1, 2, 3 dan 6

Database gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 virus Hepatitis C dilakukan dengan mengakses pusat data informasi genomik seperti pada *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) yang berpusat di Amerika Serikat, bisa juga melalui *Virus Pathogen Resources* (ViPR) yang mengintegrasikan data-data virus patogen dari beberapa sumber, seperti GenBank, UniProt, Immune Epitope Database, Protein Data Bank, dll. Baik NCBI maupun ViPR memuat data-data gen maupun protein, namun pada ViPR hanya focus pada virus sedangkan NCBI memuat semua organisme baik virus, bakteri, jamur, protozoa, hewan, manusia, tumbuhan, dll. Kedua sumber data ini cukup lengkap, dapat diakses secara gratis, mudah diakses dengan bantuan koneksi internet, serta fitur analisa data yang ditawarkan pun cukup lengkap dan sangat membantu dalam riset-riset bioteknologi. Oleh karena itu, pada riset ini dilakukan pengambilan data-data dari kedua sumber tersebut.

Data-data gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 dilakukan melalui pusat database dari ViPR dengan mengakses halaman [www.viprbrc.org](http://www.viprbrc.org) dengan halaman interface seperti ditunjukkan pada gambar 1.



Gambar 1. Halaman antar muka website ViPR (*Virus Pathogen Resource*)

Dari halaman ini, dipilih nama famili virus yang akan dituju. Virus Hepatitis C termasuk dalam Flaviviridae, sehingga jenis famili ini yang dipilih. Pada ViPR terdapat beberapa fitur pencarian jenis database yang akan dipilih. Untuk penelitian kali ini dipilih fitur “sequences & strains” pada halaman website. Pencarian gen E1 dan E2 dilakukan dengan memfilter semua data yang berasal dari Virus Hepatitis C. Salah satu filter yang digunakan adalah fokus terhadap data gen E1 dan E2 berasal dari virus Hepatitis C genotipe 1, 2, 3 dan 6 (Gambar 2).

Gambar 2. Hasil pencarian genom Virus Hepatitis C genotipe 1, 2, 3 dan 6

Dari pencarian data ini didapatkan beberapa genom virus Hepatitis C yang berasal dari genotipe 1, 2, 3 dan 6. Pada data ini juga disebutkan strain virus, genotipenya, nomor akses pada

GenBank, organisme inang, tempat dan waktu isolasi virus, seperti yang ditampakkan pada Gambar 3.

The screenshot shows the ViPR genome search results for Hepatitis C virus. The top navigation bar includes links for About Us, Community, Announcements, Links, Resources, Support, and Workbench Sign In. Below the navigation is a search bar with the query "Hepatitis C virus". The main content area displays a table of search results with columns for Strain Name, Virus Type, Subtype/Genotype (GenBank), GenBank Accession, Sequence Length, Collection Date, Host, GenBank Host, Country, and Mol Type. Two entries are shown: 1002 (HCV-1a) and 10021TF.UC1 (HCV-1a). The table has a header row and is paginated at the bottom.

	Strain Name	Virus Type	Subtype/Genotype (GenBank)	GenBank Accession	Sequence Length	Collection Date	Host	GenBank Host	Country	Mol Type
<input type="checkbox"/>	View 1002	Hepatitis C virus	1a	EF407412	9352	-N/A-	Unknown	-N/A-	-N/A-	genomic RNA
<input type="checkbox"/>	View 10021TF.UC1	Hepatitis C virus	1a	KM043272	9587	09/14/2002	Unknown	-N/A-	USA	genomic RNA

Gambar 3. Hasil pencarian genom HCV menemukan beberapa data genom yang dilengkapi dengan keterangan

Kemudian dilakukan pemilihan data genom HCV ini. Data genom HCV yang dipilih adalah dari virus-virus HCV dengan genotipe 1, 2, 3 dan 6, yang berasal dari daerah Asia, virus tersebut menginfeksi manusia dan berasal dari hasil isolasi < 10 tahun. Untuk mengetahui lebih detil mengenai data genom yang diambil, dilakukan akses data ke NCBI menggunakan nomor akses GenBank yang spesifik untuk setiap data genom. Hasil dari akses di situs NCBI dapat dilihat pada Gambar 4.

The screenshot shows the NCBI GenBank record for Hepatitis C virus subtype 1b isolate GZ52540. The page title is "Hepatitis C virus subtype 1b isolate GZ52540 polyprotein gene, complete cds". Key details include the GenBank ID KC844051.1, a FASTA link, and a Go to: button. The record is defined as a 9605 bp RNA linear molecule isolated in VRL on 01-FEB-. The record includes fields for LOCUS, DEFINITION, ACCESSION, VERSION, KEYWORDS, SOURCE, ORGANISM, and REFERENCE. The DEFINITION field specifies the isolate as a complete cds of the polyprotein gene. The ORGANISM field lists Hepatitis C virus subtype 1b, Viruses, ssRNA viruses, ssRNA positive-strand viruses, no DNA stage, Flaviviridae, and Hepacivirus.

Gambar 4. Hasil pencarian data genom lengkap HCV pada situs NCBI dengan menggunakan nomor akses GenBank

Dari GenBank (NCBI) ini didapatkan data yang lengkap mengenai genom HCV yang dipilih, mulai dari genotipenya, nama peneliti yang melakukan isolasi DNA, tempat isolasi, kode asam amino dari genom tersebut dan tempat publikasi penemuan genom ini.

Langkah selanjutnya adalah mengunduh sekuen gen E1 dan E2 dari beberapa data genom HCV yang dipilih. Bentuk unduhan sekuen gen adalah dalam bentuk Fasta, seperti yang ditunjukkan pada gambar 5.

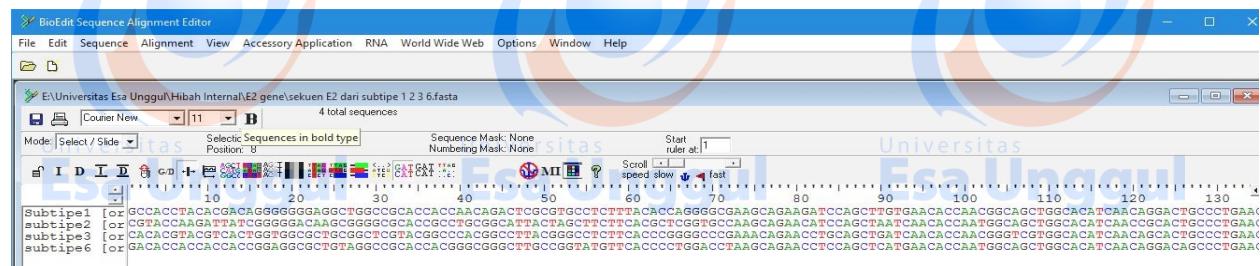
```
>Seq1 [organism=HCV subtype 1.1]
TAGCAAGTGGCCAACACGTCCGGGGTATACCAACGTCAGCAACGACTGCTCCAACTAAGTATTGTGTATGAGGCAGCGACATGATCATGCATACCCCCGGTGCACCTCGTGGGAGAACAA
GCCACAGCTGGCAGTAGGAATAGCAGCCACGACTACGACACATAGGGCCACGTCAGTTGCTCGTTGGGGGCTCTTCTCGCTCCGCTATGTAGCTGGGAGATCTCTGGGATCTGCTTCCAGCTGTT
GCTCGCTGGCATGAGACAGTTCACTGTCAATCTACCGCCATGATCAGGTACCCGATGGGCTGGGATATGATGAACTGGTACCTACAAACAGCTAGTGGTGCAGTACTCCGATCCAAAGCTGTCATG
GACATGGTAGCGGGGGCAACTGGGAGTCTGGGGCTTGCTTACTATTCCATGGTAGGGAACTGGGCTAAGTTTGATTGTGATGCTACTTGGGGCTGGTGTGAGGG
>Seq2 [organism=HCV subtype 1.2]
TATGAGTGGCCAACAGTGTCCGGGGGTACCATGTACGCAACGACTGCTCCAACTAAGCATTGTGTATGAGGCAGCGACATGATTATGCATACCCCTGGTGCACCTCGTGGGAGGTAAC
CTCCACACTCGGGCAGAGACGGCTAGCGCTTACTACGACACATAGGGCCACGTCAGTTGCTCGTTGGGGGCTCTTCTCGCTCCGCTATGTAGCTGGGAGATCTCTGGGATCTGCTT
GCTCGGGCATGAGACAGTCACTGTCAATCTACCGCCACGTATCAGGTACCCGATGGGCTGGGATATGATGAACTGGTCTCGCAACAGCCTAGTGGTATGCACTCGGATCCG
GACATGGTAGCGGGGGCAACTGGGAGTCTGGGGCTTGCTTACTATTCCATGGGGAAATTGGGCTAAGTTTGATTGTGATGCTACTTGGGGCTGGTGTGAGGG
>Seq3 [organism=HCV subtype 1.3]
TACCAAGTACGCAACTAACGGGCTTTATGTACCAATGATTGCCCAACTCGAGCATTGTGTACGAGACGGCGATACCACCTGCACCTCCGGGTGTGTCCTTGCCTCGCAGGGTAAC
CCCCTACAGTGGCACCAGGGACGGCAGACTCCAAACGCACTCGAGCTCACATCGATCTGCTCGGGAGTGTACCCCTGTGCGCCCTCTATGTGGGGACTTGTGCGGCTGTCTT
CCCAGGCAACAGCAACTGGGAGTCACTGGGGCATAGGTACCCGGGATATAACGGCATGGCAGTGGGATATGATGAACTGGTCCCAACAGCAGCTGGTAGCTAGCTGCTCAGGG
GACATGGTAGCGGGCTACTGGGGGTCTGGGGCATAGGTATTTCATGGGGAACTGGGGCTCTGTGCTGTGCTGTGTTGGGGCTGGTGTGAGGG
Universitas Universitas Universitas
Esa Unggul Esa Unggul Esa Unggul
```

Gambar 5. Data sekuen gen E1 dan E2 yang diunduh dalam bentuk FASTA

Data FASTA ini sangat diperlukan pada saat proses pensejajaran (alignment) sekuen gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6.

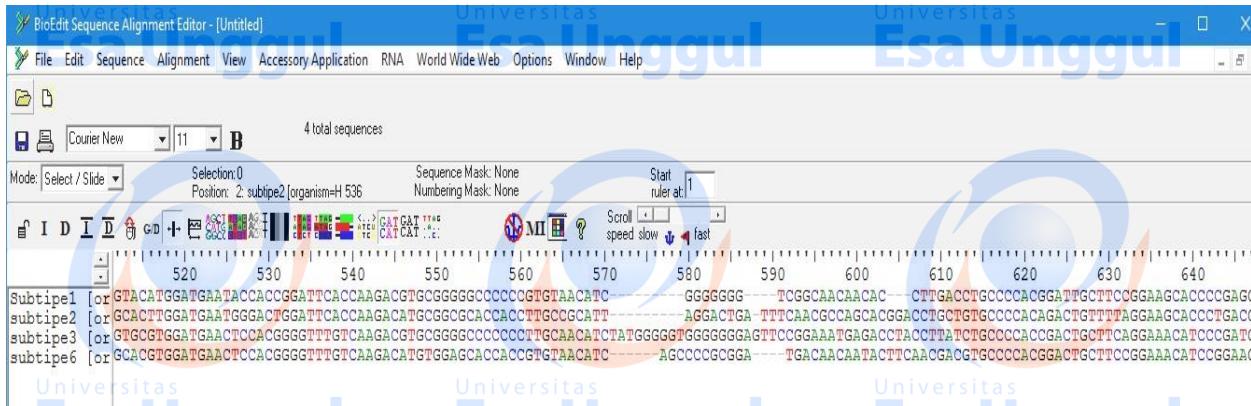
#### 4.2.Proses pensejajaran (*alignment*) gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1, 2, 3 dan 6

Proses pensejajaran atau *alignment* diperlukan untuk mengetahui kesamaan sekuen gen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6. Proses ini dilakukan dengan bantuan perangkat lunak *Bioedit Sequence Alignment Editor ver.7.0.5.3* (North Carolina State University, AS). Pensejajaran sekuen dilakukan dengan cara menyusun sekuen-sekuen gen E1 dari beberapa genotipe dalam satu urutan, seperti yang tampak pada gambar 6.



Gambar 6. Proses penyusunan gen-gen E1 atau E2 yang berasal dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 pada posisi yang sejajar

Setelah itu, proses pensejajaran dilakukan dengan ClustalW pada BioEdit. Pada proses pensejajaran ini akan terlihat pada daerah mana suatu sekuen terdapat lestari pada semua genotipe dan pada daerah mana yang tidak. Juga terdapat suatu sekuen yang ada di beberapa genotipe, namun di genotipe lain tidak ada. Hasil pensejajaran dengan ClustalW terlihat pada gambar 7.



Gambar 7. Hasil pensejajaran sekuen-sekuen gen E1 atau E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 dengan

ClustalW pada perangkat lunak *BioEdit Sequence Alignment Editor*

Dari hasil pensejajaran terlihat ada daerah-daerah dengan sekuen lestari (*conserved*), memiliki sekuen yang sama pada ke-4 genotipe, namun ada pula yang tidak. Pada beberapa genotipe juga tidak memiliki sekuen nukleotida (DNA) pada daerah tertentu dibandingkan dengan genotipe lain. Contohnya pada daerah basa ke-571-576, hanya pada genotipe 3 saja yang lengkap memiliki sekuen nukleotida, sedangkan genotipe yang lain tidak memiliki dan digambarkan dengan tanda hubung (-) pada daerah tersebut. Dari hasil pensejajaran dapat ditentukan sekuen konsensus gen E1 atau E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6. Seperti diperlihatkan pada gambar 8. Hasil pensejajaran dan sekuen konsensus kemudian diunduh dalam bentuk file FASTA.

```
Alignment: Alignment sekuen E2 dari HCV subtipe 1, 2, 3 dan 6

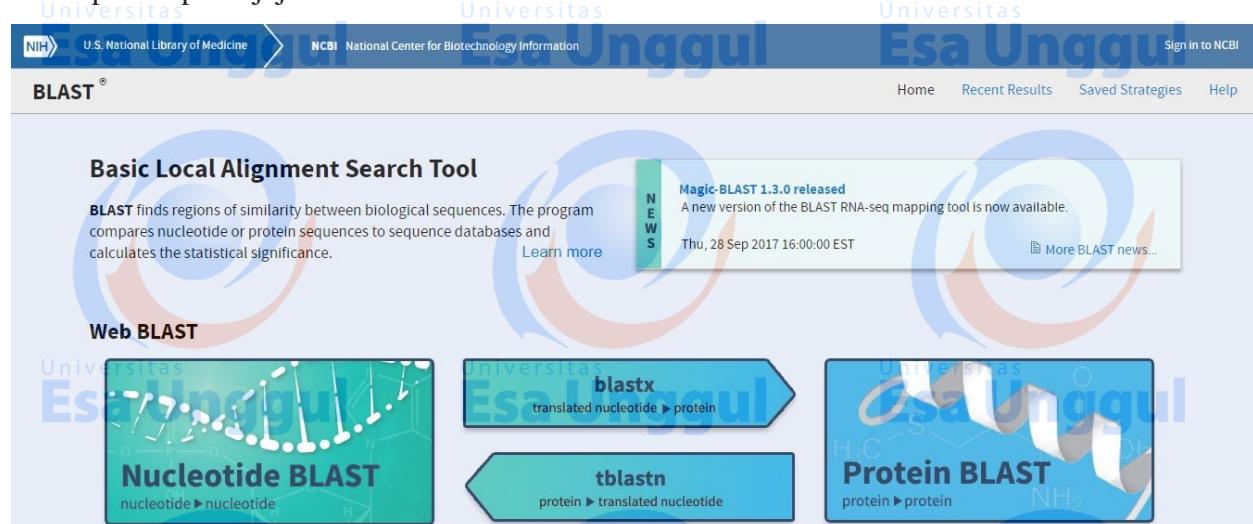
.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
      10          20          30          40          50
Subtipe1 [ GCCACCTACA CGACAGGGGG GGAGGCAGGC CGCACCCACCA ACAGACTCGC
Subtipe2 [ CGTACCAAGA TTATCGGGGG ACAAGCGGGG CGCACCCGCT GCGGCATTAC
Subtipe3 [ CACACGTAGC TCACTGGTGG CGCTGCGGCT CGTACGGCCC ACGGCCTTAC
Subtipe6 [ GACACCACCA CCACCGGGAGG CGCTGTAGGC CGCACCCACGG GCAGGCTTGC
CONSENSUS  [ GACACCTACA TCACCGGGGG CGATGCGGGC CGCACCCACCA GCAGGCTTAC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
      60          70          80          90          100
Subtipe1 [ GTGCCTCTTT ACACCAAGGGG CGAACAGAAA GATCCAGCTT GTGAACACCA
Subtipe2 [ TAGCTTCTTC ACGCTCGGTG CCAAGCAGAAA CATCCAGCTA ATCAACACCA
Subtipe3 [ GGGCCTCTTC ACCCGGGGCC CGAAACAGAAA CCTGCAGCTG ATCAACACCA
Subtipe6 [ CGGTATGTTC ACCCCTGGAC CTAAGCAGAAA CCTCCAGCTC ATGAACACCA
CONSENSUS [ GGGCCTCTTC ACCCCTGGGC CGAACAGAAA CATCCAGCTA ATCAACACCA
```

Gambar 8. Hasil pensejajaran gen E1 atau E2 dari beberapa genotipe dan sekuen konsensus yang berhasil didapatkan

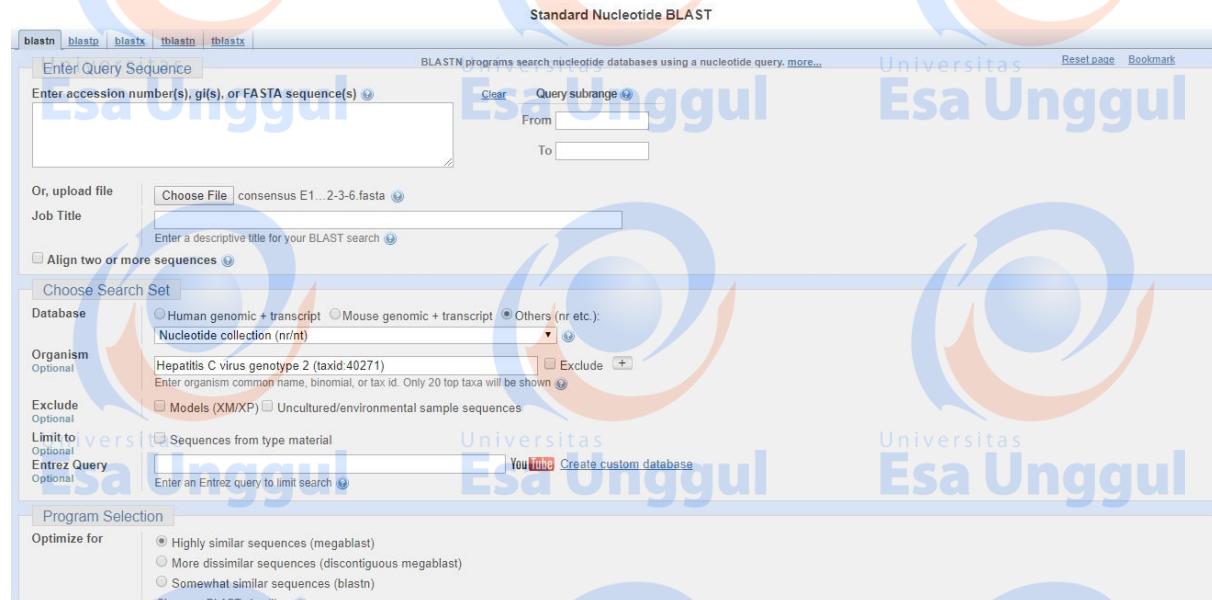
#### 4.3.Pensejajaran Sekuen Konsensus gen E1 dan E2 dengan seluruh Data Sekuen HCV Genotipe 1, 2, 3 dan 6

Proses pensejajaran kali ini dilakukan pada sekuen konsensus gen E1 dan E2 yang berhasil didapatkan dengan seluruh data genom HCV genotipe 1, 2, 3 dan 6 yang ada di GenBank. Proses ini dilakukan dengan perangkat lunak BLAST (*Basic Local Alignment Search Tools*) yang terdapat pada situs NCBI pada alamat [wwwblast.ncbi.nlm.nih.gov](http://wwwblast.ncbi.nlm.nih.gov) (Gambar 9). Situs ini terhubung dengan data-data genom yang ada pada GenBank sehingga memudahkan untuk proses pensejajaran ini.



Gambar 9. Halaman antar muka BLAST (*Basic Local Alignment Search Tools*) yang digunakan dalam proses pensejajaran sekuen konsensus dibandingkan dengan data genom pada GenBank

Pada perangkat lunak BLAST ini dipilih Nucleotide BLAST untuk membandingkan sekuen konsensus dengan seluruh data sekuen dari HCV. Sekuen konsensus dibandingkan untuk setiap genotipe, baik genotipe 1, 2, 3 dan 6 (Gambar 10). Hasilnya adalah tingkat kemiripan atau homologi dari sekuen konsensus dengan data genom HCV untuk genotipe 1, 2, 3 dan 6 yang ada.



Gambar 10. Cara pensejajaran sekuen dengan BLAST

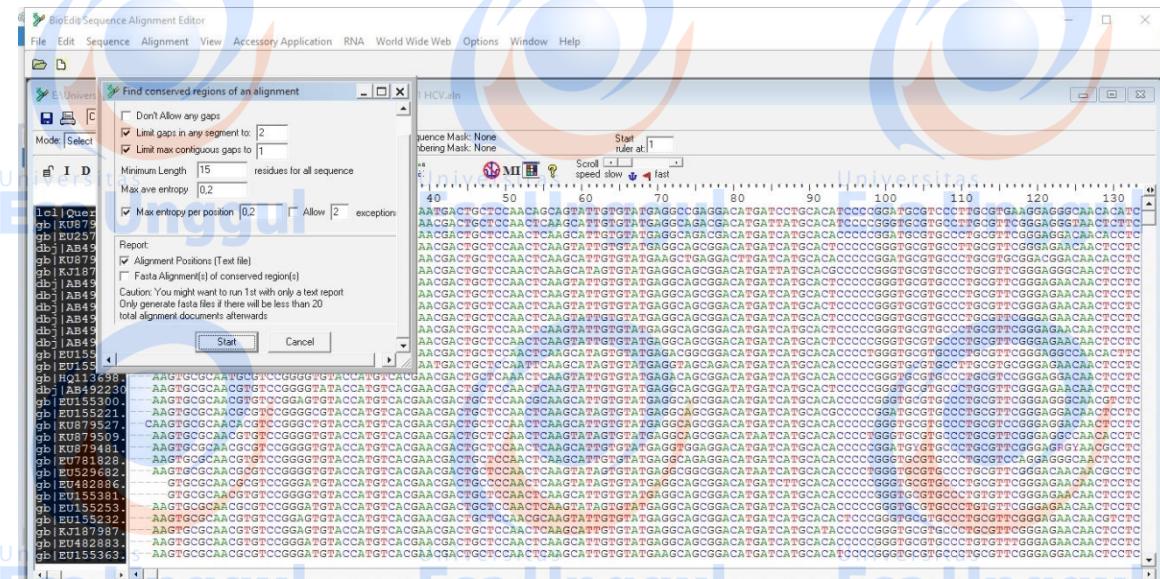
#### 4.4.Penentuan Daerah Lestari dari Sekuen Konsensus gen E1 dan E2

Penentuan daerah lestari pada sekuen gen E1 dan E2 merupakan kelanjutan dari hasil pensejajaran sekuen dengan BLAST. Hasil pensejajaran sekuen diunduh dalam bentuk file FASTA kemudian dilakukan proses pencarian daerah lestari dengan bantuan perangkat lunak *BioEdit Sequence Alignment Editor* (Gambar 11).



Gambar 11. Pencarian daerah sekuen lestari menggunakan perangkat lunak *BioEdit Sequence Alignment Editor*

Ditentukan kriteria-kriteria yang diinginkan berkenaan dengan daerah lestari ini, sehingga perangkat lunak dapat menemukan sekuen lestari yang sesuai (Gambar 12).



Gambar 12. Penetapan kriteria pencarian sekuen lestari yang diinginkan

#### 4.5. Desain primer untuk konstruksi plasmid rekombinan kandidat vaksin VLP HCV

Primer merupakan basa nukleotida (DNA) dengan panjang 18-24 pb yang diperlukan dalam proses perbanyakan gen target melalui metode Reaksi Polimerase Berantai (*Polymerase Chain Reaction*, PCR). Hasil akhir dari pencejajaran sebelumnya digunakan sebagai dasar pembuatan primer ini. Primer yang didesain harus dapat digunakan dalam perbanyakan gen. Syarat primer yang akan didesain adalah terdiri dari 18-24 pb, dengan suhu Tm sekitar 55-65°C. Beberapa kriteria lain seperti primer harus tidak berikatan dengan pasangan primer lain pada sisi 3', tidak membentuk struktur *hairpin*, dan lain-lain. Untuk melakukan desain primer maka digunakan perangkat lunak Primer BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) dari NCBI melalui <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/> (Gambar 13)

Gambar 13. Halaman antar muka situs Primer BLAST dari NCBI

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas 14  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

## BAB V

### HASIL DAN LUARAN YANG DICAPAI

#### 5.1 Hasil

##### 5.1.1 Mendapatkan database gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1, 2, 3 dan 6

Setelah dilakukan pencarian pada situs ViPR didapatkan beberapa data genom HCV sesuai dengan kriteria yang diinginkan. Data-data genom HCV ini sebagian besar berasal dari virus-virus yang beredar di Asia, seperti Cina, Jepang dan Australia. Data-data ini dipilih karena sekuen genom yang beredar di Asia memiliki kemiripan yang tinggi dengan yang beredar di Indonesia. Hasil akhir dari penelitian ini adalah mendapatkan sekuen konsensus dari gen E1 dan E2 yang nantinya dapat digunakan dalam pengembangan produksi vaksin HCV. Apabila sekuen konsensus ini tidak memiliki kemiripan dengan sekuen virus yang beredar di Indonesia, maka kemungkinan besar vaksin yang diproduksi tidak dapat memberikan proteksi terhadap virus HCV yang beredar di Indonesia. Oleh karena itu dipilihlah sekuen-sekuen virus yang beredar di Indonesia. Hanya terdapat beberapa sekuen yang berasal dari Amerika Serikat, Kanada dan Swiss seperti data sekuen gen E1 dan E2 dari genotipe 1 HCV, dikarenakan belum banyak data dari genotipe ini yang berasal dari Asia. Selain itu juga dikarenakan genotipe ini adalah genotipe yang paling banyak terdapat di seluruh dunia. Kemungkinan besar genom dari genotipe ini tidak memiliki variasi yang terlalu besar pada seluruh belahan dunia. Virus HCV yang datanya digunakan dalam penelitian ini menginfeksi manusia (memiliki inang manusia). Data-data lengkap dari genom yang didapatkan dapat dilihat pada tabel 1.

Tabel 1. Data-data genom HCV yang digunakan dalam penentuan sekuen E1 dan E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6

No	Strain	Genotipe	Nomor Akses GenBank	Tempat Isolasi	Tahun Isolasi
1	QC165	1c	KJ439767	Kanada	N/A
2	H4	1b	GU451220	Cina	2008
3	HCV-1a/CH/BID-V271/2006	1c	EU482858	Swiss	2006
4	P1A01	1b	KX767012	Amerika Serikat	2011
5	ZS542	2f	KC844042	Cina	2010
6	ZS260	2b	KC844048	Cina	2010
7	ZS623	2a	KC844043	Cina	2011
8	J6CF/JFH2.1	2a	AB690461	Jepang	2011
9	gz52540	1b	KC844051	Cina	2002
10	SH37	3b	JQ065709	Cina	2011
11	I	3a	KM587622	Australia	2012
12	PK-1	3	GU294484	Pakistan	2008
13	NE274	3d	KJ470619	Nepal	N/A
14	NE145	3e	KJ470618	Nepal	N/A
15	D	2b	KM587617	Australia	2012
16	10MYKJ032	6n	KC191671	Malaysia	2010
17	6_TV453	6	KJ567648	Vietnam	N/A
18	6-TV469	6	KJ567646	Vietnam	N/A
19	C-0782	6f	KM504110	Thailand	N/A
20	BL120	6a	KJ678744	Cina	N/A
21	6-TV443	6	KJ567649	Vietnam	N/A

Untuk setiap genotipe, dipilih 5-6 data sekuen genom sebagai rujukan. Hal ini dilakukan untuk menghindari kesulitan pembuatan sekuen konsensus setelah proses pencejajaran sekuen gen E1 dan E2. Sekuen pengkode gen E1 dan E2 didapatkan dari genom yang sama untuk menghindari variabilitas kedua gen ini. Tahun isolasi genom HCV yang digunakan dipilih dari tahun 2006-2012. Terdapat beberapa data genom yang tidak diketahui tahun isolasinya dari virus. Hal ini disebabkan karena peneliti yang melakukan proses isolasi DNA dan mengunggahnya di GenBank tidak mencantumkan kapan mereka melakukannya. Akan tetapi, data-data genom yang

tidak diketahui tahun dilakukannya isolasi ini telah dipublikasikan di jurnal-jurnal ilmiah terbaru, pada tahun 2010-2016.

### **5.1.2 Proses pensejajaran (*alignment*) database gen E1 dan E2 HCV dari genotipe 1, 2, 3 dan 6**

Proses pensejajaran gen E1 dan E2 dilakukan secara bertahap dengan bantuan perangkat lunak *BioEdit Sequence Alignment Editor*. Tahap pertama adalah pensejajaran untuk data-data sekuen E1 dan E2 dari masing-masing genotipe. Penjajaran sekuen E1 dan E2 untuk genotipe 1 dilakukan terhadap 5 data gen E1, yaitu dari data strain QC165, H4, HCV-1a/CH/BID-V271/2006, P1A01 dan gz52540. Hasil sekuen konsensus gen E1 dapat dilihat pada Lampiran 1, sedangkan untuk gen E2 terdapat pada Lampiran 5. Untuk genotipe 2, dilakukan pensejajaran dari strain ZS542, ZS260, ZS623, J6CF/JFH2.1 dan D. Hasil pensejajaran dan sekuen konsensus gen E1 dapat dilihat di Lampiran 2, sedangkan untuk gen E2 dapat dilihat pada Lampiran 6. Cara yang sama juga dilakukan untuk genotipe 3, yaitu terhadap strain SH37, I, PK-1, NE274 dan NE145. Untuk hasil pensejajaran dan sekuen konsensus gen E1 dapat dilihat pada Lampiran 3, dan untuk gen E2 pada Lampiran 7. Yang terakhir adalah pensejajaran untuk genotipe 6 yang dilakukan pada strain-strain berikut, yaitu 10MYKJ032, 6\_TV453, 6-TV469, C-0782, BL120 dan 6-TV443. Hasil pensejajaran dan sekuen konsensus gen E1 dapat dilihat pada Lampiran 4, dan gen E2 pada Lampiran 8.

Setelah dilakukan pensejajaran untuk setiap genotipe dan didapatkan sekuen konsensusnya untuk gen E1 dan E2, kemudian dilakukan pensejajaran sekuen gen E1 dan E2 antar genotipe. Sekuen genotipe E1 akan dibandingkan antara genotipe 1, 2, 3 dan 6, demikian juga untuk gen E2. Hasil dari pensejajaran ini dapat dilihat pada Lampiran 9. Sedangkan hasil pensejajaran untuk gen E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 dapat dilihat pada Lampiran 10.

Dari hasil pensejajaran gen E1 dan E2 setiap genotipe ini terlihat adanya variasi di beberapa titik atau posisi, meskipun berasal dari genotipe yang sama. Tetapi terdapat juga daerah-daerah yang lestari. Setelah dilakukan pensejajaran antar genotipe, variasi sekuen gen nampak lebih besar. Variasi sekuen genetik pada HCV dengan genotipe yang sama adalah sekitar 15%, sedangkan variasi antar genotipe berkisar antara 30-35% (Messina et al, 2015; Smith et al, 2014). Variasi sekuen gen E1 dan E2 kemungkinan disebabkan karena proses adaptasi virus terhadap respon imunitas tubuh organisme inang, dalam hal ini adalah manusia. Protein E1 dan E2 merupakan glikoprotein yang terdapat pada bagian terluar dari virus dan diketahui berperan

penting dalam proses masuknya (fusi) virus ke dalam sel inang. Dikarenakan posisi protein E1 dan E2 yang terletak di luar sel, maka akan dikenali oleh antibodi, baik antibodi monoklonal maupun antibodi netralisasi. Beberapa penelitian menemukan bahwa pada beberapa penderita hepatitis kronik memiliki titer antibodi netralisasi yang tinggi terhadap protein E1 dan E2. Oleh karena itu, virus HCV berupaya untuk melakukan upaya penghindaran dari respon imun antibodi ini. Oleh karena itu, virus melakukan beberapa variasi gen E1 dan E2 agar tidak dikenali oleh respon imun tubuh manusia. Variasi sekuen gen ini banyak terdapat pada gen E2 yang juga terlihat pada proses pensejajaran kali ini. Protein E2 merupakan protein yang memiliki situs HVR1 (*Hypervariable Region* 1) dan HVR2 yang sangat bervariasi. Hal ini dibuktikan dengan beberapa penemuan bahwa HVR1 banyak terdapat pada strain-strain virus yang mampu bertahan dari serangan respon imun manusia.

### 5.1.3 Pensejajaran Sekuen Konsensus gen E1 dan E2 dengan seluruh Data Sekuen HCV Genotipe 1, 2, 3 dan 6

Untuk mengetahui apakah sekuen konsensus gen E1 dan E2 memiliki kemiripan dengan gen E1 dan E2 dari virus-virus HCV yang beredar secara global, maka dilakukan proses perbandingan sekuen gen. Proses ini dilakukan dengan membandingkan sekuen konsensus gen E1 dan E2 dengan sekuen gen yang sama yang berasal dari database GenBank. Sekuen konsensus dibandingkan dengan satu persatu genotipe untuk melihat tingkat kemiripan yang dihasilkan. Proses ini dilakukan dengan bantuan perangkat lunak BLAST dari NCBI.

Pada perbandingan antara sekuen konsensus gen E1 dengan keseluruhan database genotipe 1, diperlihatkan pada Gambar 14. Sekuen konsensus ini dibandingkan dengan 100 database genotipe 1 HCV.

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

All Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description						
	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate RE9sD_06 E1 protein gene, partial cds</a>	493	493	98%	5e-139	79%	KU879486_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b clone Cu-1 polyprotein gene, partial cds</a>	484	484	98%	3e-136	79%	EU257483_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-1</a>	473	473	98%	5e-133	78%	AB492228_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate NA5sD_08 E1 protein gene, partial cds</a>	471	471	98%	2e-132	78%	KU879465_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate 110_v39 polyprotein gene, partial cds</a>	470	470	98%	6e-132	78%	KJ187986_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-9</a>	470	470	98%	6e-132	78%	AB492235_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-7</a>	470	470	98%	6e-132	78%	AB492234_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-6</a>	470	470	98%	6e-132	78%	AB492233_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-5</a>	470	470	98%	6e-132	78%	AB492232_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-4</a>	470	470	98%	6e-132	78%	AB492231_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-2</a>	470	470	98%	6e-132	78%	AB492229_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/CH/BID-V295/2002, complete genome</a>	470	470	98%	6e-132	78%	EU155367_2
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/CH/BID-V294/2002, complete genome</a>	466	466	98%	7e-131	78%	EU155366_2
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate 684A_91_1577_3 polyprotein gene, partial cds</a>	464	464	98%	2e-130	78%	HQ113698_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b gene for polyprotein, partial cds, strain: K4af24L-3</a>	464	464	98%	2e-130	78%	AB492230_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/US/BID-V341/2003, complete genome</a>	464	464	98%	2e-130	78%	EU155300_2
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/US/BID-V148/2004, complete genome</a>	464	464	98%	2e-130	78%	EU155221_2
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate BX11sD_07 E1 protein gene, partial cds</a>	462	462	99%	9e-130	78%	KU879527_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate PA19sD_07 E1 protein gene, partial cds</a>	461	461	98%	3e-129	78%	KU879509_1
<a href="#">Hepatitis C virus subtype 1b isolate PA38sD_08 E1 protein gene, partial cds</a>	461	461	98%	3e-129	78%	KU879481_1

Gambar 14. Proses perbandingan sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 1

Perlu dicermati dari hasil ini adalah nilai *E-value* (*Expect value*) yang didapatkan. Nilai *E-value* adalah jumlah berapa kali suatu sekuen spesifik didapatkan sama dengan sekuen database apabila seseorang melakukan pencarian dalam suatu database. Dalam hal ini, semakin kecil nilai *E-value* yang didapatkan dalam perbandingan, maka kemiripan antara sekuen-sekuen yang dibandingkan semakin besar. Selain itu didapatkan nilai % *identity*, dimana *identity* adalah kemiripan antara sekuen-sekuen yang diperbandingkan, memiliki data sekuen yang sama pada daerah yang sama. Dari Gambar 14, terlihat bahwa nilai *E-value* tertinggi adalah  $5 \times 10^{-139}$  dengan % *identity* adalah 79%, artinya bahwa sekuen konsensus yang dibuat untuk gen E1 memiliki kemiripan yang tinggi dengan gen E1 dari virus-virus HCV genotipe 1 yang ada. Sehingga berpotensi digunakan sebagai *template* dalam pengembangan pembuatan vaksin VLP.

Untuk genotipe 2, 3 dan 6 dapat dilihat pada Lampiran 11a-c yang rata-rata memperlihatkan kemiripan yang cukup tinggi antara sekuen konsensus dengan sekuen gen E1 dari virus-virus HCV yang ada di dunia.

Sedangkan untuk gen E2 hasil perbandingan antara sekuen konsensus dengan database gen E2 dari virus-virus HCV genotipe 1 diperlihatkan pada Gambar 15.

Sequences producing significant alignments:  
Select: All None Selected: 100

All Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate 16_v12 polyprotein gene_partial cds	1007	1007	99%	0.0	81%	KJ187999.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/US/BID-V448/2006_complete genome	982	982	99%	0.0	80%	EU482885.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate GZ52540 polyprotein gene_complete cds	980	980	97%	0.0	81%	KC844051.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/US/BID-V131/1990_complete genome	980	980	99%	0.0	80%	EU155331.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate AD08 clone Cc08 polyprotein gene_partial cds	976	976	98%	0.0	80%	JX649797.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/CH/BID-V311/2006_complete genome	975	975	99%	0.0	80%	EU155378.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate AD11 clone Cc10 polyprotein-like gene_complete sequence	973	973	98%	0.0	80%	JX649852.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate AD08 clone Cc11 polyprotein gene_partial cds	973	973	98%	0.0	80%	JX649799.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate AD08 clone Cc06 polyprotein gene_partial cds	973	973	98%	0.0	80%	JX649795.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate AD05 clone Bc11 polyprotein gene_partial cds	971	971	98%	0.0	80%	JX649734.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b genomic RNA_complete genome_clone KAH5	971	971	96%	0.0	81%	AB442220.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/US/BID-V2148/1999_complete genome	971	971	98%	0.0	80%	FJ478453.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 1b isolate HCV-1b/US/BID-V1711/2007_complete genome	969	969	95%	0.0	81%	FJ024277.1
<input type="checkbox"/>	...	967	967	99%	0.0	80%	JX649761.1

Gambar 15. Hasil perbandingan gen E2 antara sekuen konsensus dengan sekuen virus-virus HCV yang ada di dunia

Hasil yang didapatkan memperlihatkan adanya nilai *E-value* sebesar 0 dan % identity sebesar 81%. Ini artinya sekuen konsensus yang dibuat memiliki kemiripan yang sangat tinggi dengan gen E2 pada virus-virus HCV genotipe 1 yang beredar di seluruh dunia. Untuk perbandingan dengan genotipe 2, 3, dan 6 dapat dilihat pada Lampiran 12a-c. Hasil yang didapat juga memperlihatkan adanya kemiripan yang tinggi antara sekuen konsensus dengan sekuen gen E2 dari virus HCV genotipe 2, 3 dan 6 yang ada dunia.

#### 5.1.4 Penentuan Daerah Lestari dari Sekuen Konsensus gen E1 dan E2

Penentuan daerah lestari untuk sekuen konsensus gen E1 dan E2 diperlukan untuk mengetahui daerah-daerah mana saja yang tidak banyak memiliki variasi sekuen gen. Daerah lestari adalah daerah-daerah yang memiliki kemiripan sekuen yang tinggi. Sekuen-sekuen lestari ini dapat bermanfaat dalam pengembangan vaksin HCV dengan pendekatan yang berbeda-beda, pendekatan VLP, DNA sintetik maupun pendekatan lain. Proses pencarian dilakukan antara sekuen konsensus dengan seluruh sekuen gen E1 HCV yang ada pada database GenBank. Hal ini dibantu dengan perangkat lunak *BioEdit Sequence Alignment Editor*.

Dihasilkan beberapa daerah lestari baik pada gen E1 dan E2. Pada gen E1 virus HCV genotipe 1 terdapat 2 daerah lestari, yaitu pada posisi basa ke-33 hingga 53 dan basa ke-385-401. Untuk genotipe 2 terdapat 4 daerah lestari, yaitu posisi basa ke-426-442, 538-545, 562-572 dan 574-581. Untuk genotipe 3 terdapat 1 daerah lestari, yaitu pada posisi basa ke-451-464. Yang

terakhir adalah pada genotipe 6 pada posisi basa ke-211-220, 223-230 dan 389-396. Hasil penentuan daerah lestari untuk gen E1 dapat dilihat pada Lampiran 13a-d.

Gen E2 juga memiliki daerah lestari meskipun terdapat sekuen HVR1 dan HVR2. Pada genotipe 1, daerah lestari yang didapatkan cukup banyak, yaitu terdapat pada 11 posisi, antara lain posisi (1) basa ke 140-160, (2) basa ke 260-280, (3) basa ke-424-443, (4) basa ke-480-494, (5) basa ke-520-536, (6) basa ke-556-572, (7) basa ke-638-657, (8) basa ke-731-747, (9) basa ke-890-905, (10) basa ke-974-991 dan (11) basa ke-1083-1105. Untuk genotipe 2, terdapat 2 daerah lestari yaitu pada posisi basa ke-104-122, genotipe 3 pada posisi basa ke-228-244 dan genotipe 6 pada posisi basa ke-341-348, 406-413, 558-566, 949-956 dan 1191-1198. Hasil lengkap dapat dilihat pada Lampiran 14a-d.

### 5.1.5 Desain primer untuk konstruksi plasmid rekombinan kandidat vaksin VLP HCV

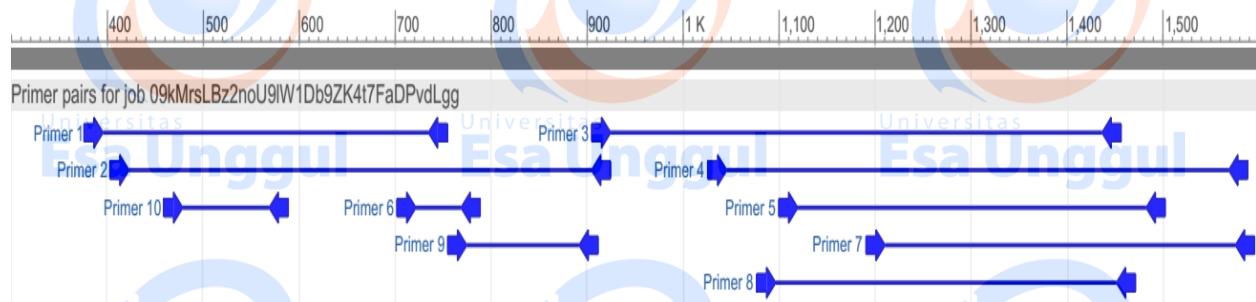
Untuk pengembangan kandidat vaksin berbasis VLP (Viral-Like Particles) tentu diperlukan pembentukan protein kandidat vaksin. Hal ini tentu saja memerlukan pula perbanyak gen targer yang diinginkan. Untuk vaksin VLP, protein yang umumnya digunakan adalah protein structural berupa selubung (*envelope*) atau bisa juga berupa kapsid. Protein ini merupakan protein structural terluar yang umumnya memiliki imunogenesitas yang tinggi sehingga ideal digunakan sebagai vaksin.

Virus HCV memiliki protein terluar berupa protein *envelope*, yaitu protein E1 dan E2 dalam bentuk heterodimer yang mampu membangkitkan respon imun non spesifik dan spesifik. Antibodi neutralisasi akan memiliki target epitop pada protein *envelope* ini sehingga protein E1 dan E2 sangat berpotensi untuk dijadikan sebagai kandidat vaksin VLP. Oleh karena itu diperlukan perbanyak gen E1 dan E2 yang nantinya dapat digunakan dalam pengembangan kandidat vaksin HCV.

Dalam proses perbanyak gen ini dilakukan dengan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Salah satu bagian penting dalam proses PCR ini adalah primer DNA yang diperlukan sebagai awal perpanjangan sekuen gen target. Pada penelitian kali ini dilakukan desain primer DNA menggunakan perangkat lunak primer BLAST.

Penelitian ini dilakukan untuk mendapatkan pasangan primer untuk dapat menggandakan gen target E1-E2 secara utuh. Hasil yang didapatkan adalah sebagai berikut, sekuen konsensus gen E1-E2 memiliki panjang 1672 pb. Terdapat 10 pasang primer yang didapatkan dengan

primer BLAST, memiliki daerah target masing-masing. Posisi pasangan primer E1-E2 dapat dilihat pada Gambar 16.



Gambar 16. Posisi relatif pasangan-pasangan primer terhadap gen E1-E2

Kesepuluh pasang primer ini rata-rata memiliki suhu Tm antara 55-60°C. Detil sekuen, posisi relatif primer, suhu Tm dan karakteristik lain dapat dilihat pada Lampiran 15. Semua pasangan primer yang didapatkan bisa dipilih untuk perbanyakan gen E1-E2, namun apabila dilihat kembali pada karakteristik yang dimiliki, maka pasangan primer 1, 3, 7 dan 9 akan dipilih untuk proses perbanyakan gen. Pasangan primer ini dipilih dikarenakan posisi relatifnya yang saling berdekatan dan tumpang tindih untuk dapat digunakan dalam perbanyakan gen E1-E2 secara utuh. Selain itu primer-primer ini juga sedikit sekali memiliki sekuen yang komplementer terhadap dirinya sendiri pada daerah 3'. Hal ini penting karena primer tidak boleh terlalu banyak memiliki situs komplementer dengan dirinya sendiri yang dapat mengganggu proses penempelan primer ke gen target. Hasil akhirnya adalah tidak banyaknya gen target yang terduplikasi.

## 5.2 Luaran yang Dicapai

Hasil penelitian ini berhasil mendapatkan 1 buah laporan akhir yang selanjutnya akan dipublikasikan di jurnal nasional. Selain itu didapatkan hasil-hasil penelitian yang dapat digunakan sebagai bahan penelitian lanjutan.

## BAB VI

### RENCANA TAHAPAN BERIKUTNYA

Setelah melakukan penelitian kali ini, hasil-hasil penelitian yang didapatkan direncanakan akan digunakan dalam beberapa rencana berikutnya, diantaranya : (a) publikasi di jurnal ilmiah nasional, (b) pendaftaran laporan hasil penelitian ini untuk mendapatkan Hak Cipta di Kementerian Hukum dan HAM, (c) mempergunakan hasil-hasil penelitian ini untuk rancangan penelitian selanjutnya.

Pada tahapan penelitian berikutnya akan dilakukan pengujian pasangan primer yang didapatkan dari penelitian kali ini. Pengujian ini dilakukan untuk menentukan apakah pasangan primer yang didapatkan dapat mengenali gen-gen E1-E2 dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 virus Hepatitis C. Apabila pasangan primer ini dapat mengenalinya, maka akan dilakukan proses perbanyakannya. Hal ini tentu akan berlanjut secara bertahap sampai dilakukan proses ekspresi protein E1-E2 yang memerlukan penelitian yang membutuhkan waktu, tenaga, fasilitas laboratorium dan pendanaan yang lebih intensif. Hasil besar yang ingin dicapai adalah terbentuknya protein E1-E2 yang menjadi kandidat vaksin VLP untuk infeksi HCV, berguna baik untuk kebutuhan dalam negeri maupun global.

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas 23  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

## BAB VII

### KESIMPULAN DAN SARAN

#### 7.1. Kesimpulan

Sesuai dengan tujuan penelitian kali ini, maka hasil yang didapatkan adalah sebagai berikut :

1. Berhasil didapatkan daerah sekuen-sekuen lestari dari gen E1 untuk genotipe 1, 2, 3 dan 6. Untuk gen ini didapatkan 10 daerah sekuen lestari dari genotipe 1, 2, 3 dan 6.
2. Berhasil didapatkan daerah sekuen-sekuen lestari dari gen E2 untuk genotipe 1, 2, 3 dan 6. Untuk gen ini didapatkan 20 daerah sekuen lestari dari genotipe 1, 2, 3 dan 6.
3. Berhasil didapatkan sekuen konsensus gen E1-E2 yang berasal dari genotipe 1, 2, 3 dan 6 yang memiliki panjang 1672 pb. Sekuen ini menjadi dasar untuk desain pasangan primer.
4. Hasil penelitian ini akan dijadikan dasar dalam penelitian lebih lanjut, baik jangka pendek maupun panjang. Untuk jangka pendek akan digunakan dalam proses pengujian sekuen pasangan primer yang berhasil didapatkan.

#### 7.2. Saran

Diperlukan penelitian lanjutan yang mempelajari struktur protein dari sekuen konsensus gen E1-E2 yang dihasilkan. Analisa lebih lanjut ini terdiri dari konformasi protein, posisi relatif protein, daerah-daerah epitop yang kemungkinan dikenali oleh antibodi dan respon imun seluler.

## DAFTAR PUSTAKA

1. Asselah, T, N. Boyer, D. Saadoun, M. Martinot-Peignoux dan P. Marcellin. 2016. **Direct-Acting Antivirals for The Treatment of Hepatitis C Virus Infection: Optimizing Current IFN-free Treatment and Future Perspective.** *Liver Int.* 36 (Suppl. S1): 47-57.
2. Bartosch, B, J. Dubuisson dan F.C Cosset. 2003. **Infectious Hepatitis C Virus Pseudo-particles Containing Functional E1-E2 Envelope Protein Complexes.** *J. Exp. Med.* 197(5): 633-642.
3. Bassett, S.E, D.L Thomas, K.M. Brasky, dan R.E Lanford, 1999. **Viral Persistence, Antibody to E1 and E2, and Hypervariable Region 1 Sequence stability in Hepatitis C Virus-inoculated Chimpanzees.** *J. Virol.* 73(2): 1118-1126.
4. Beaumont, E dan P. Roingeard. 2013. **Prospect for Prophylactic Hepatitis C Vaccines Based on Virus Like Particles.** *Hum. Vaccin. Immunother.* 9(5): 1112-1118.
5. Beaumont, E, E. Roch, L. Chopin, dan P. Roingeard. 2016. **Hepatitis C Virus E1 and E2 Proteins Used as Separate Immunogens Induce Neutralizing Antibodies with Additive Properties.** *PLoS ONE.* 1-15.
6. Halliday, J., P.Klenerman dan E. Barnes. 2011. **Vaccination for Hepatitis C Virus: Closing an Evasive Target.** *Expert Rev. Vaccine.* 10(5): 659-672.
7. InfoDATIN. 2014. **Situasi dan Analisis Hepatitis.** Kementerian Kesehatan Republik Indonesia.
8. Messina, J.P, I.Humphreys, A. Flaxman, A.Brown, G.S. Cooke, O.G. Pybus dan E. Barnes. 2015. **Global Distribution and Prevalence of Hepatitis C Virus.** *Hepatology.* 61: 77-87.
9. Dubuisson, J. 2007. **Hepatitis C virus proteins.** *World J Gastroenterol* 2007 May 7; 13(17): 2406-2415.
10. Ashfaq,U.A, T.Javed, S.Rehman, Z.Nawaz dan S.Riazuddin. 2011. **An overview of HCV molecular biology, replication and immune responses.** *Virol J.* 8:161.
11. Deng, K, R.Liu, H.Rao, D.Jiang, J.Wang, X.Xie, L.Wei. 2015. **Antibodies Targeting Novel Neutralizing Epitopes of Hepatitis C Virus Glycoprotein Preclude Genotype 2 Virus Infection.** *PLoS ONE* 10(9). 1-17
12. Martínez-Donato,G, B.Piniella, D.Aguilar, S.Olivera, A.Pérez, Y.Castañedo, L.Alvarez-Lajonchere, S.Dueñas-Carrera, J.W.Lee, N.Burr, M.Gonzalez-Miro, B.H.A.Rehm. 2016.

- Protective T-Cell and Antibody Immune Responses against Hepatitis C Virus Achieved Using a Biopolyester-Bead-Based Vaccine Delivery System. *Clin Vaccine Immunol* 23:370–378.
13. Frey, S.E, M.Houghton, S.Coates, S.Abrignani, D.Chien, D.Rosa, P.Pileri, R.Ray, A.M.Di Bisceglie, P.Rinella, H.Hill, M.C. Wolff, V.Schultze, J.H. Han, B.Scharschmidt, R.B. Belshe. 2010. Safety and immunogenicity of HCV E1E2 vaccine adjuvanted with MF59 administered to healthy adults. *Vaccine* 28 (2010) 6367–6373.
14. Garrone, P, A.C.Fluckiger, P.E. Mangeot, E. Gauthier, P.Dupeyrot-Lacas, J.Mancip, A. Cangialosi, I.Du Chéné, R. LeGrand, I.Mangeot, D.Lavillette, B.Bellier, F.L Cosset, F.Tangy, D.Klatzmann, C.Dalba. 2011. A Prime-Boost Strategy Using Virus-Like Particles Pseudotyped for HCV Proteins Triggers Broadly Neutralizing Antibodies in Macaques. *Sci. Transl. Med.*, 3(94):94ra71.
15. Kushnir, N, S.Streatfield, V.Yusibov. 2012. Virus-like particles as a highly efficient vaccine platform: Diversity of targets and production systems and advances in clinical development. *Vaccine*. 31(1):58-83

## Lampiran 1. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 1

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	10	20	30	40	50
<b>Seq1 [orga</b>	TACGAAGTGC GCAACACGTC CGGGGTATAC CACGTCACGA ACGACTGCTC					
<b>Seq2 [orga</b>	TATGAAGTGC GCAACAGTGTGTC CGGGGCGTAC CATGTCACGA ACGACTGCTC					
<b>Seq3 [orga</b>	TACCAAGTAC GCAACTCCAC GGGCCTTAT CATGTCACCA ATGATTGCC					
<b>Seq4 [orga</b>	CATGAAGTGC GCAACAGTATC CGGGGTGTAT GCTGTCACGA ACGACTGCTC					
<b>Seq5 [orga</b>	GTCGAAGTGC GCAACTCTTC GGGGATATAC CATGTCACCA ATGATTGTCC					
<b>Consensus</b>	TACGAAGTGC GCAACTCGTC CGGGGTATAC CATGTCACGA ACGACTGCTC					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	60	70	80	90	100
<b>Seq1 [orga</b>	CAACTCAAGT ATTGTGTATG AGGCAGCGGA CATGATCATG CATACCCCCG					
<b>Seq2 [orga</b>	CAACTCAAGC ATTGTGTATG AGGCAGCGGA CATGATTATG CATACCCCTG					
<b>Seq3 [orga</b>	CAACTCGAGC ATTGTGTACCG AGACGGCCGA TACCATCTG CACTCTCCGG					
<b>Seq4 [orga</b>	CAACTCAAGT ATTGTGTATG AGGCAGCGGA CATGATCATG CACACCCCCG					
<b>Seq5 [orga</b>	CAAYGCGTCT GTTGTGTACG AGACAGGAAG CCTGATCATC CATCTGCC					
<b>Consensus</b>	<b>CAACTCAAGT ATTGTGTATG AGGCAGCGGA CATGATCATG CATACCCCCG</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	110	120	130	140	150
<b>Seq1 [orga</b>	GGTGCCTACC CTGCGTTCGG GAGAACAAAG CCTCCCGTT CTGGTAGCG					
<b>Seq2 [orga</b>	GGTGCCTGCC CTGCGTGCAG GAGGGTAACG CCTCCCGCTG CTGGTAGCG					
<b>Seq3 [orga</b>	GGTGTGTCCC TTGCGTCCCG GAGGGTAACG CCTCGAAGTG TTGGTAGCC					
<b>Seq4 [orga</b>	GGTGCCTGCC CTGCGTCCCG GAGGGTAATT CCTCCCGCTG CTGGTAGCG					
<b>Seq5 [orga</b>	GGTGTGTGCC CTGCGTACGC GAGGGCAAYG CCTCGAGGTG TTGGCTCC					
<b>Consensus</b>	GGTGCCTGCC CTGCGTCCCG <b>GAGGGTAACG CCTCCCGCTG CTGGTAGCG</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	160	170	180	190	200
<b>Seq1 [orga</b>	CTCACACCCA CGCTCGCGGC TAGGAATAGC AGCGTCCCCA CTACGACAAT					
<b>Seq2 [orga</b>	CTCACTCCCA CACTCGCGGC CAGGAACGCT AGCGTCCTCA CTACGACAAT					
<b>Seq3 [orga</b>	GTGGCCCTTA CAGTCGCCAC CAGGGACGGC AGACTTCCA CAACGCAGCT					
<b>Seq4 [orga</b>	CTCACTCCCA CACTCGCAGC CAGGAACCTC AGCGTCCCCA CCACGACAAT					
<b>Seq5 [orga</b>	CTTAGTCCCCA CCGTAGCCGC TAAGAATGTG AGCGTCCCCG TCAGTGAGAT					
<b>Consensus</b>	<b>CTCACTCCCA CACTCGCGGC CAGGAACGGC AGCGTCCCCA CTACGACAAT</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	210	220	230	240	250
<b>Seq1 [orga</b>	ACGGGCCAC GTCGACTTGC TCGTTGGGC GGCTGTTTC TGCTCCGCTA					
<b>Seq2 [orga</b>	ACGACGCCAC GTCGATTTC GTCGTTGGGC GGCTGTTTC TGCTCCGCTA					
<b>Seq3 [orga</b>	TCGACGTCAC ATCGATCTGC TTGTCGGGAG TGCTACCTTG TGCTCCGCTA					
<b>Seq4 [orga</b>	ACGACGCCAT GTCGATTTC GTCGTTGGGC AGCTGTTTC TGTTCTGCTA					
<b>Seq5 [orga</b>	TCGGCGTCAC GTCGACTTGA TYGTCGGGAG TGCTRACTC TGCTCCGCTA					
<b>Consensus</b>	<b>ACGACGCCAC GTCGATTTC GTCGTTGGGC GGCTGTTTC TGCTCCGCTA</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	260	270	280	290	300
<b>Seq1 [orga</b>	TGTACGTGGG GGATCTCTGC GGATCTGTCT TCCTCGTCTC CCAGCTGTT					
<b>Seq2 [orga</b>	TGTACGTGGG AGATCTCTGC GGATCTGTCTT TTCTCGTCTC TCAGCTGCTC					
<b>Seq3 [orga</b>	TCTATGTGGG GGACTTGTGC GGGTCTGTCT TTCTCGTCTG TCAACTGTT					
<b>Seq4 [orga</b>	TGTACGTGGG GGATCTCTGC GGATCTGTCTT TCCTCGTCTC CCAGCTTTC					
<b>Seq5 [orga</b>	TGTAYGTAGG GGACCTATGT GGCTCCATCT TCCTCGTTGG CCAGCTTTC					
<b>Consensus</b>	<b>TGTACGTGGG GGATCTCTGC GGATCTGTCT TCCTCGTCTC CCAGCTGTT</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	310	320	330	340	350
<b>Seq1 [orga</b>	ACCTTCTCGC CTCGCTGGCA TGAGACAGTT CAGGACTGTA ACTGCTCAAT					
<b>Seq2 [orga</b>	ATCATCTCGC CTCGCCGGCA TGAGACAGTA CAGGACTGCA ACTGCTCAAT					
<b>Seq3 [orga</b>	ACTTTCTCCC CCAGGCACCA CTGGACACAG CAAAGATGCA ACTGTTCAAT					
<b>Seq4 [orga</b>	ACCCTTTCAC CTCGCCGGTA TGAGACGGTA CAGGACTGCA ATTGCTCAAT					

<b>Seq5 [orga</b>	ACCTTCTCTC CCAGRCGCCA CTGGACGACG CAGGACTGCA ATTGCTCCAT
<b>Consensus</b>	<b>ACCTTCTCGC CTCGCCGGCA TGAGACAGTA CAGGACTGCA ACTGCTCAAT</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	360 370 380 390 400
<b>Seq1 [orga</b>	CTATCCCAGC CATGTATCAG GTCACCCGCAT GGCTCTGGGAT ATGATGATGA
<b>Seq2 [orga</b>	CTATCCCAGC CACGTATCAG GTCACCCGCAT GGCTCTGGGAT ATGATGATGA
<b>Seq3 [orga</b>	GTACCCCGGC CATATAACGG GTCACCCGCAT GGCTCTGGGAT ATGATGATGA
<b>Seq4 [orga</b>	CTATCCCAGC CATGTATCAG GCCATCGTAT GGCTCTGGGAT ATGATGATGA
<b>Seq5 [orga</b>	CTACCCGGGC CATGTGACGG GTCATCGAAT GGCTCTGGGAC ATGATGATGA
<b>Consensus tas</b>	<b>CTATCCCAGC CATGTATCAG GTCACCCGCAT GGCTCTGGGAT ATGATGATGA</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	410 420 430 440 450
<b>Seq1 [orga</b>	ACTGGTCACC TACAACAGCT CTAGTGGTGT CGCAGTTACT CGGGATCCCA
<b>Seq2 [orga</b>	ACTGGTCTCG TGCAACAGCC CTAGTGGTAT CGCAGTTACT CGGGATCCCG
<b>Seq3 [orga</b>	ACTGGTCCCC AACAGCAGCG TTGGTAGTAG CTCAGCTGCT CAGGGTCCCG
<b>Seq4 [orga</b>	ACTGTGCACC TACAACAGGCC CTAGTGGTAT CGCAGCTACT CGGGATCCCA
<b>Seq5 [orga</b>	ATTGGTCACC TACTGGCGCC TTAGTAGTGG CGCAGCTACT CGGGATCCCA
<b>Consensus</b>	<b>ACTGGTCACC TACAACAGCC CTAGTGGTAT CGCAGCTACT CGGGATCCCA</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	460 470 480 490 500
<b>Seq1 [orga</b>	CAAGCTGTCA TGGACATGGT AGCAGGGGCC CACTGGGGAG TCCTGGCGGG
<b>Seq2 [orga</b>	CAAGCTGTCA TGGACATGGT GGCAGGGGCC CACTGGGGAG TCCTGGCGGG
<b>Seq3 [orga</b>	CAAGCCATCT TGGACATGAT CGCTGGTGCC CACTGGGGGG TCCTAGCGGG
<b>Seq4 [orga</b>	CAAGCCGTG TGACATGGT GGCAGGGAGCC CACTGGGGAG TCCTAGCGGG
<b>Seq5 [orga</b>	CAAGCTGTCA TGGATATGGT AGCCGGTGCC CACTGGGGTG TCCTAGCGGG
<b>Consensus</b>	<b>CAAGCTGTCA TGGACATGGT GGCAGGGAGCC CACTGGGGAG TCCTAGCGGG</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	510 520 530 540 550
<b>Seq1 [orga</b>	TCTTGCTTAC TATTCCATGG TAGGAACTG GGCTAAGGTT TTGATTGTGA
<b>Seq2 [orga</b>	CCTTGCTTAC TATTCCATGG TGGGAAATTG GGCTAAGGTT CTGATTGTGA
<b>Seq3 [orga</b>	CATAGCGTAT TTCTCCATGG TGGGAACTG GGCAGGGTC CTGCTAGTGC
<b>Seq4 [orga</b>	CCTCGGCTAC TATTCCATGG TGGGAACTG GGCTAAGGTC TTGATTGTGA
<b>Seq5 [orga</b>	CCTGGCATAC TACTCCATGG TAGGAATTG GGCTAAGGTT GTGGTTGTGC
<b>Consensus</b>	<b>CCTTGCTTAC TATTCCATGG TGGGAACTG GGCTAAGGTT TTGATTGTGA</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	560 570
<b>Seq1 [orga</b>	TGCTACTCTT TGCCGGCGTT GATGGG
<b>Seq2 [orga</b>	TGCTACTCTT TGCCGGCGTT GACGGG
<b>Seq3 [orga</b>	TGCTGCTGTT TGCCGGCGTC GATGCA
<b>Seq4 [orga</b>	TGCTACTCTT TGCCGGCGTT GATGGG
<b>Seq5 [orga</b>	TGCTGCTTT TGCCGGCGTC GACGCA
<b>Consensus</b>	<b>TGCTACTCTT TGCCGGCGTT GATGGG</b>

**Lampiran 2.** Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 2

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	10 20 30 40 50
<b>subtipe2.1</b>	GTGGAAGTCA GGAACACCAAG TTCCAGCTAC TATGCCACTA ATGACTGCTC
<b>subtipe2.2</b>	GCCCAGGTGA AAAACACCAAG TGACATCTAC ATGGTGACTA ACGACTGTC
<b>subtipe2.3</b>	GTCCAAGTGA GGAACAAACAG CAACAGCTAC ATGGTGACTA ATGACTGTC
<b>subtipe2.4</b>	GTGGAAGTCA GGAACATTAG TTCTAGCTAC TACGCCACTA ATGACTGTC
<b>subtipe2.5</b>	GTGCAAGTTG CAAACCCGAG TGGCTCTAC ATGGTGACCA ATGATTGCTC
<b>Consensus</b>	GTGCAAGTGA GGAACACCAAG TTACAGCTAC ATGGTGACTA ATGACTGTC
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	60 70 80 90 100
<b>subtipe2.1</b>	GAACAAACAGC ATCACCTGGC AGCTCAAAGA CGCAGTTCTC CATCTCCCTG
<b>subtipe2.2</b>	CAACAGCAGC ATCACCTGGC AGCTTAGGGC CGCAGTCCTC CACGTCCCCG
<b>subtipe2.3</b>	TAATGACAGC ATCACCTGGC AGCTCCAGGC CGGGTCCTC CACGTCCCCG
<b>subtipe2.4</b>	GAACAAACAGC ATCACCTGGC AGCTCACTAA CGCAGTTCTC CACCTCCCTG
<b>subtipe2.5</b>	GAATGGCAGT ATCGTCTGGC AGCTCGAGGG AGCTGTTCTT CACGTCCCCG
<b>Consensus</b>	GAACAAACAGC ATCACCTGGC AGCTCAAGGC CGCAGTTCTC CACGTCCCCG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	110 120 130 140 150
<b>subtipe2.1</b>	GATGCGTCCC ATGCAGAAAAC GAYAACGGCA CCTTCCGCTG TTGGATACAA
<b>subtipe2.2</b>	GATGTGTCCTC GTGTGAGAAA GTGGGAAATA CATCTCAGTG CTGGACGCCG
<b>subtipe2.3</b>	GGTGCCTCCC GTGCGAGAAA GTGGGAAATC TATCTCGGTG CTGGATACCG
<b>subtipe2.4</b>	GATGCGTCCC ATGTGARAAT GACAATGGCA CCTTCCGCTG CTGGATACAA
<b>subtipe2.5</b>	GGTGCATTCC CTGTGAGCGG AAGGGCAATA CTTCCCGCTG CTGGATACCG
<b>Consensus</b>	GATGCGTCCC GTGTGAGAAA GAGGGAAATA CATCCCGCTG CTGGATACCG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	160 170 180 190 200
<b>subtipe2.1</b>	GTAACACCTA ATGTGGCTGT GARACATCGC GGTGCACTCA CTCACAACCT
<b>subtipe2.2</b>	GTCTCACCCA ATGTGGCTGT GCAGCAACCC GGCGCCCTCA CGCGGGGCTT
<b>subtipe2.3</b>	GTTTACCCAA ACCTAGCTGT GCAGCAGCCC GGTGCCCTCA CGCAGGGCTT
<b>subtipe2.4</b>	GTGACACCCA ATGTGGCTGT GAAATACCAC GGAGCACTCA CCCACAACCT
<b>subtipe2.5</b>	GTCACCTCTA ACATCGCTGT GAGCCAACCC GGCGCGCTCA CCAAGGGCTT
<b>Consensus</b>	GTCACACCCA ATGTGGCTGT GAAGCAACCC GGTGCCCTCA CCCAGGGCTT
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	210 220 230 240 250
<b>subtipe2.1</b>	GCGAACACAT GTCGACATGA TCGTAATGGC AGCTACGGTC TGTTCAGCCT
<b>subtipe2.2</b>	GCGGACGCAC ATCGATATCG TTGTAATGTC CGCTACGCTC TGCTCCGCTC
<b>subtipe2.3</b>	GCGGACGCAC ATCGACATTG TTGTGATGTC CGCCACGCTC TGCTCCGCTC
<b>subtipe2.4</b>	GCGAACGCAT GTCGACATGA TCGTAATGGC TGCTACGGTC TGCTCGGCT
<b>subtipe2.5</b>	GCGGACGCAT ATTGACATCA TCGTTCGTC CGCCACGTT TGCTCTGCT
<b>Consensus</b>	GCGGACGCAT ATCGACATGA TCGTAATGTC CGCTACGCTC TGCTCCGCT
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	260 270 280 290 300
<b>subtipe2.1</b>	TGTACGTGGG AGACGTGTGC GGGGCGTGA TGATTGTGTC GCAGGCTTTC
<b>subtipe2.2</b>	TCTATGTGGG GGACCTCTGC GGCGGGGTAA TGCTCGCGGC CCAGATATTC
<b>subtipe2.3</b>	TTTACGTGGG GGATCTCTGT GGCAGGTGA TGCTCGCAGC CCAGCTGTT
<b>subtipe2.4</b>	TGTATGTGGG AGATATGTGC GGAGCCGTGA TGATCGTGTG RCAGGCTCTC
<b>subtipe2.5</b>	TGTATGTGGG CGATGCCTGC GGTGCGCTGA TGATAGTCTC CCAGGCCTTC
<b>Consensus</b>	TGTATGTGGG GGATCTCTGC GGCAGGTGA TGATCGTGTG CCAGGCTTTC
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	310 320 330 340 350
<b>subtipe2.1</b>	ATAATATCGC CAGAACATCA CAACTTCACC CAAGAGTGCA ACTGCTCCAT
<b>subtipe2.2</b>	ATCGTCTCGC CACAACACCA CTGGTTCGTG CAAGAGTGCA ATTGCTCCAT
<b>subtipe2.3</b>	ATCGCTCTGC CGCAGCACCA CTGGTTCGTG CAGGACTGCA ATTGTTCCAT
<b>subtipe2.4</b>	ATAATATCAC CAAAACACCA CAACTTCACC CAGGAGTGCA ACTGTTCCGT

**subtipe2.5** ATCATCTCGC CGGAACACCA CCAGTCGTT CAGGACTGCA ATTGCTCCAT  
**Consensus** ATCATCTCGC CAGAACACCA CAAGTCGTG CAGGAGTGC ATTGCTCCAT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
360 370 380 390 400

**subtipe2.1** CTACCAGGGT CATATCACCG GCCACCGCAT GGCATGGGAC ATGATGCTAA

**subtipe2.2** CTACCCCTGGT ACCATCACTG GTCAACCGTAT GGCATGGGAC ATGATGATGA

**subtipe2.3** TTACCCCTGGT ACCATCACTG GGCATCGTAT GGCATGGGAT ATGATGATGA

**subtipe2.4** CTACCAAGGT CATATCACCG GCCACCGTAT GGCATGGGAC ATGATGCTAA

**subtipe2.5** ATACCCAGGT CACATCTCGG GCCATCGGAT GGCATGGGAC ATGATGATGA

**Consensus** CTACCCCTGGT CACATCACTG GCCACCGTAT GGCATGGGAC ATGATGATGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
410 420 430 440 450

**subtipe2.1** ACTGGTCACC AACTCTTACCG ATGATCCTCG CCTATGCCGC TCGTGTTC

**subtipe2.2** ACTGGTCGCC CACAGCTACCG ATGATCCTGG CGTACGCGAC ACGTGTCCC

**subtipe2.3** ACTGGTCACC CACGGCTACT ATGATCCTGG CATAACGCGAT GCGTGTCCC

**subtipe2.4** ACTGGTCACC AACTCTAGCC ATGATCCTCG CCTACGCCGC TCGCGTTCC

**subtipe2.5** ATTGGTCGCC GACCGCAACC ATGGTCTTGG CCTACTTGAT GCGTGTCCC

**Consensus** ACTGGTCACC AACTGCTACCG ATGATCCTGG CCTACGCGAC TCGTGTCCC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
460 470 480 490 500

**subtipe2.1** GAGCTAGTCC TTGAGGTTGT CTTCGGGCGC CATTGGGGTG TGGTGTTC

**subtipe2.2** GAGGTCATCA TAGACATCAT TAGCGGGGCT CACTGGGGTG TCATGTT

**subtipe2.3** GAGGTCATTA TAGACATCAT TAGCGGGGCT CACTGGGGCG TCATGTT

**subtipe2.4** GAGCTGGTCC TCGAAGTTGT CTTCGGGCGC CATTGGGGTG TGGTGTTC

**subtipe2.5** GAAGTGTTC TGGAGATCAT CGCCGGAGCA CATTGGGGCG TGATGTT

**Consensus** GAGGTCGTCC TAGACATCAT CATCGGGGCT CATTGGGGTG TGATGTT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
510 520 530 540 550

**subtipe2.1** CTTGGCCTAT TTCTCTATGC AGGGAGCATG GGCCAAGGTC CTCGCCATCC

**subtipe2.2** CCTGGCCTAC TTCTCTATGC AGGGAGCGTG GGCGAAGGTC GTTGT

**subtipe2.3** CTTGGCCTAC TTCTCTATGC AGGGAGCGTG GGCGAAGGTC GTTGT

**subtipe2.4** CTTGGCCTAC TTCTCCATGC AGGGAGCGTG GGCGAAGGTC ATTGCTATCC

**subtipe2.5** CCTGGCCTAC TTCTCTATGC AGGGAGCGTG GGCGAAGGTC ATCGTCATTC

**Consensus** CTTGGCCTAC TTCTCTATGC AGGGAGCGTG GGCGAAGGTC GTTGT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
560 570 580 590 600

**subtipe2.1** TCCTCCTTGT CGCGGGAGTG GAAGCT

**subtipe2.2** TCCTGCTGGC CGCTGGGGTG GACGCA

**subtipe2.3** TCCTGCTGGC CGCGGGGGTG GACGCG

**subtipe2.4** TCCTCCTTGT TGCAAGGAGTG GACGCG

**subtipe2.5** TCCTATTGAC AGCGGGGGTG GAGGCA

**Consensus** TCCTGCTGGC CGCGGGGGTG GACGCA

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas 30  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

### Lampiran 3. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 3

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	10 20 30 40 50
<b>subtipe3.1</b>	TTGGAGGTTTC GCAACGCATC CGGTCTCTAC ATGCTCACCA ATGACTGCTC
<b>subtipe3.2</b>	ATTGAATACC GGAATGTGTC TGGCCTCTAC GTGCTCACCA ACGACTGCTC
<b>subtipe3.3</b>	CTAGAGTGGC GGAATAACGTC TGGTCTCTAT GTCCCTTACCA ACGCCCGTTC
<b>subtipe3.4</b>	TTAGAGTGGC GGAATAACGTC TGGCCTTAT GTCCCTTACCA ACGACTGCTC
<b>subtipe3.5</b>	CTAGAGTACA GGAACACGTC CGGCCTATAC GTACTTACCA ACGACTGCTC
<b>Consensus</b>	CTAGAGTGGC GGAATAACGTC TGGCCTCTAC GTCCCTTACCA ACGACTGCTC
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	60 70 80 90 100
<b>subtipe3.1</b>	AAACAGCAGC ATAGTATATG AGGCGGAAGA TGTGATCCTG CACATGCCTG
<b>subtipe3.2</b>	TAACGGCACT ATCGTGTATG AGGCCCTGAG AGTCATCTTG CATTGCGAG
<b>subtipe3.3</b>	CAACAGCAGT ATAGTGTACG AGGCCGACGA CGTTATCCTG CACACACCCG
<b>subtipe3.4</b>	CAATAGCAGT ATTGTGTATG AGGCCGAYGA AGTTATTCTG CACACACCCG
<b>subtipe3.5</b>	CAACAAGAGC ATTGTGTATG AGGCCGACGA TGTGATCTTG CACTTACCCG
<b>Consensus</b>	CAACAGCAGT ATTGTGTATG AGGCCGACGA TGTATCCTG CACATACCCG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	110 120 130 140 150
<b>subtipe3.1</b>	GTTGCGTTCC CTGCGTGCAG AACGGCAACA CATCGGAGTG CTGGACCCC
<b>subtipe3.2</b>	GTTGTGTGCC CTGCGTTCAA TCAGGCAACT CCTCGCAATG CTGGATTCCG
<b>subtipe3.3</b>	GCTGTATACC TTGTGTTCACT ACCGGCAACA CATCCAAGTG CTGGACCCC
<b>subtipe3.4</b>	GCTGTATACC TTGTGTYCRG GWCGGAATA CATCCACGTG YTGGACCGCA
<b>subtipe3.5</b>	GATGTGTGCC TTGCATAAA ACCGGCAACC AGACATCGTG CTGGACACCA
<b>Consensus</b>	GCTGTGTGCC TTGCATTCAG ACCGGCAACA CATCGAAGTG CTGGACCCC
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	160 170 180 190 200
<b>subtipe3.1</b>	GCGACACCAA CGGTGGCACT CAGATACGCT GGTGCAACGA CGGCTTCCGT
<b>subtipe3.2</b>	GTGGCACCAA CAGTGGCGGT TAAGTACGCT GGCGCGACCA CTGCATCGAT
<b>subtipe3.3</b>	ATGACACCCA CGGTGGCACT TAAGTATGTC GGAGCAACCA CGCCTTCGAT
<b>subtipe3.4</b>	GTGACACCYA CAGTGGCACT CAAATACGTC GGAGCATCCA CGCCTTCAT
<b>subtipe3.5</b>	GTGTACACCAA CAGTGGCCGT CAGATATCCT GGCGTGACCA CGCCTTCGAT
<b>Consensus</b>	GTGACACCAA CAGTGGCACT CAAATACGCT GGAGCAACCA CGCCTTCGAT
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	210 220 230 240 250
<b>subtipe3.1</b>	ACGCAGCAC ACGGGACAC GTGGATTTGC TAGTCGGCAG TGCCACTCTG TGCTCCGGC
<b>subtipe3.2</b>	CCGCAATCAT GTGGATCTGC TGTTGGGAGC TGCCACGTTG TGCTCCGGC
<b>subtipe3.3</b>	ACGCGGTAT GTGGACCTGT TAGTGGGCGC AGCCACGATG TGTTCTGGC
<b>subtipe3.4</b>	ACGTAGTCAT GTGGACCTAY TAGTGGGCGC GGCCACGATG TGTTCYGGC
<b>subtipe3.5</b>	CCGCAATCAC GTGGATATGC TGTTGGGCGC GGCCACGTTG TGCTCAGGGC
<b>Consensus</b>	ACGCAGTCAT GTGGATCTGC TAGTGGGCGC TGCCACGATG TGCTCCGGC
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	260 270 280 290 300
<b>subtipe3.1</b>	TCTATGTCGG TGACCTTTGC GGGGCGTCT TCCTTGTGGG GCAGGCCTT
<b>subtipe3.2</b>	TGTATGTTGG CGATATGTGT GGAGCGTCT TCTTGGTGGG ACAGGCTTTC
<b>subtipe3.3</b>	TCTACGTGGG TGATGTGTGC GGAGCGTCT TCCTCGTGGG GCAAGCCTTC
<b>subtipe3.4</b>	TCTACGTGGG CGACATGTGT GGGGCGTCT TCCTCGTGGG ACAAGCCTTC
<b>subtipe3.5</b>	TGTACGTCGG GGACGCTTGC GGGGCGTGT TCCTTGTGGG GCAAGCATTC
<b>Consensus</b>	TCTACGTGG TGACATGTGC GGGGCGTCT TCCTCGTGGG GCAAGCCTTC
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	310 320 330 340 350
<b>subtipe3.1</b>	ACATTCAAGGC CTCGTCGTCA TACGACTGTC CAGACCTGCA ACTGCTCGTT
<b>subtipe3.2</b>	ACCTTCAGGC CTCGCCAGCA CAACACGGTG CAGACCTGCA ATTGCTCACT
<b>subtipe3.3</b>	ACGTTCAAGGC CGCGACGCCA TCAAACGGTC CAGACCTGCA ACTGCTCGCT
<b>subtipe3.4</b>	ACGTTYAGAC CCCGTCRCCA TCAAACGGTC CARACCTGCA ACTGCTCGCT

<b>subtipe3.5</b>	ACCTTCAGGC CTCGTCAACA CACGTCGTA CAGACGTGCA ACTGCTCAAT
<b>Consensus</b>	<b>ACCTTCAGGC CTCGTGCCA CAAAACGGTC CAGACGTGCA ACTGCTCGCT</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	360 370 380 390 400
<b>subtipe3.1</b>	GTACCAGGC CATATCACAG GACATCCCAT GGCATGGGAT ATGATGATGA
<b>subtipe3.2</b>	GTACCCCTGGT CACATTCAGC GACACAGGAT GGCTTGGGAT ATGATGATGA
<b>subtipe3.3</b>	GTACCC <del>A</del> GGC CATCTCACAG GACATCGAAT GGCTTGGGAT ATGATGATGA
<b>subtipe3.4</b>	GTACCCAGGC CATATTCGG GACATCGAAT GGCTTGGGAT ATGATGATGA
<b>subtipe3.5</b>	CTACCCAGGC CACATTCAG GACAACGTAT GGCGTGGGAT ATGATGATGA
<b>Consensus tas</b>	<b>GTACCCAGGC CATATTCAG GACATCGAAT GGCTTGGGAT ATGATGATGA</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	410 420 430 440 450
<b>subtipe3.1</b>	ACTGGTCCCC AGCCGCCGGT CTAGCTCTAG CACACTTGCT GCGGGTGC
<b>subtipe3.2</b>	ATTGGTCTCC AGCTGTTGGG TTGGTGTRG CGCACGTGTT GCGGCTGC
<b>subtipe3.3</b>	ACTGGTCCCC TGCTGTTGGC ATGGTGGTGG CGCACATCTT ACGCCTAC
<b>subtipe3.4</b>	ATTGGTCCCC YGCCGTGGGT ATGGTGGTGG CGCACGTCTT GCGGYTG
<b>subtipe3.5</b>	ACTGGTCCCC TGCAATCGGG CTGTTAACAT CACACTTGCT GCGGTTGC
<b>Consensus</b>	<b>ACTGGTCCCC TGCTGTCGGG ATGGTGGTGG CGCACATTGCT GCGGCTGC</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	460 470 480 490 500
<b>subtipe3.1</b>	CAAACCATCT TCGACGTACT CGCAGGTGCA CATTGGGCG TAATGGCC
<b>subtipe3.2</b>	CAGACCATTT TTGACATCAT TGCTGGAGCT CACTGGGTA TCATGGCC
<b>subtipe3.3</b>	CAGACCCCTGT TTGATATAAT AGCCGGGCC CATTGGGCG TCTTGGCG
<b>subtipe3.4</b>	CAGACCTTGT TCGACATAAT AGCCGGGCC CATTGGGCA TCTTGGCRG
<b>subtipe3.5</b>	CAAACCTCC TTGACCTGGT CACAGGGGCC CACTGGGCG TGATGGCAG
<b>Consensus</b>	<b>CAGACCATGT TTGACATAAT AGCCGGGCC CATTGGGCG TCATGGCAG</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	510 520 530 540 550
<b>subtipe3.1</b>	ATTGGCGTAC TACTCCATGC AGGGCAACTG GGCGAAGGTC ATAGTCATCT
<b>subtipe3.2</b>	TCTGGCCTAC TACTCTATGC AGACTAACTG GGCTAAAGTC TTCATTATCA
<b>subtipe3.3</b>	TCTAGCCTAC TATACCATGC AGGGCAACTG GGCAAGGTC GCAATCATCA
<b>subtipe3.4</b>	CCTAGGCTAT TACTCTATGC AGGGCAACTG GGCAAGGTC GCTATCATCA
<b>subtipe3.5</b>	CCTCGCTTAT TTTTCCATGC AGGGTAACTG GGCAAGGTC GGCATCGTGA
<b>Consensus</b>	<b>CCTAGCCTAC TACTCCATGC AGGGCAACTG GGCAAGGTC GCCATCATCA</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	560 570
<b>subtipe3.1</b>	TGGTCATGTT TGCAGGGGTT GACGCT
<b>subtipe3.2</b>	TCGTCATGTT CTCTGGAGTT GACGCC
<b>subtipe3.3</b>	TGGTTATGTT CTCAGGGGTC GATGCC
<b>subtipe3.4</b>	TGGTCATGTT TTCAGGGGTC GATGCC
<b>subtipe3.5</b>	TGATCATGTT CTCGGGAGTG GATGCG
<b>Consensus</b>	<b>TGGTCATGTT CTCAGGGGTT GATGCC</b>

#### Lampiran 4. Hasil pensejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotype 6

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	10	20	30	40	50
<b>subtipe6.1</b>	CTCAATTATG TCAACAAAGTC TGGTCTCTAC TATCTGACTA ATGACTGCC					
<b>subtipe6.2</b>	CTGAATTATG CTAACAAAGTC TGGTATTAC CATCTTACCA ATGACTGCC					
<b>subtipe6.3</b>	GTCCATTATG CCAACAAAGAG TGGGATTAC CACGTCACCA ATGACTGCC					
<b>subtipe6.4</b>	GTGCACTATG CCAACAGGTG TGACATTAC CAGCTGACCA ATGACTGCC					
<b>subtipe6.5</b>	CTCACCTACG GTAACTCCAG TGGGCTATAAC CATCTCACAA ATGATTGCC					
<b>Consensus tas</b>	<b>CTCAATTATG CCAACAAAGTC TGGGATTAC CATCTCACCA ATGACTGCC</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	60	70	80	90	100
<b>subtipe6.1</b>	CAACAGCAGC ATTGTGTATG AGGCGCCAC TCTTATYATG CACTTACCTG					
<b>subtipe6.2</b>	CAACAGCAGC ATCGTGTACG AGGCAGAAGA TGTCATCCTG CACCTTCCCG					
<b>subtipe6.3</b>	CAACAGCAGC ATTGTGTATG AGGCATCTGA TGTCATTCTG CACCTTCCCG					
<b>subtipe6.4</b>	CAACAGTAGC ATCGTGTACG AGGCGGAGAG CATGATCCTC CACCTTCCCG					
<b>subtipe6.5</b>	CAACTCCAGC ATCGTGCTGG AGGCGGATGC TATGATTTG CATTGCTG					
<b>Consensus</b>	<b>CAACAGCAGC ATCGTGTATG AGGCGGATGC TATGATCCTG CACCTTCCCG</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	110	120	130	140	150
<b>subtipe6.1</b>	GATGCACCCC TTGCGTTCA GTTGGCAACC AGTCTACTTG CTGGTTGGCA					
<b>subtipe6.2</b>	GATGCGTCCC CTGTGTCGCC GCAAACAACG CGACCCAGTG CTGGGTGCCT					
<b>subtipe6.3</b>	GATGCGTCCC TTGCACTGAGG TCTGGTAACA CCTCCATGTG CTGGACGCC					
<b>subtipe6.4</b>	GCTGTGTGCC CTGTGTCGCG ACTGGCAATC AGTCTAGATG CTGGGTGCCA					
<b>subtipe6.5</b>	GATGCTTGCC TTGTGTGAGG GTCGATAATC ATTCCACCTG TTGGCATGCT					
<b>Consensus</b>	<b>GATGCGTCCC TTGTGTGAGG GCTGGCAACC AGTCCACGTG CTGGGTGCCT</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	160	170	180	190	200
<b>subtipe6.1</b>	GCCTCGCCTA CCTTGGCTGT TCCGAACCGC ACGACGCCCTC TCACGGGGTT					
<b>subtipe6.2</b>	GCCTCACCCA CGTTGGCCAT TCCGAACCGC TC GGCTCCGA TTCGTGGGGTT					
<b>subtipe6.3</b>	GCCACACCCA CACTGGCGGT TCCGAACGCC TCGACACCTG CTGGCGGGTT					
<b>subtipe6.4</b>	GCCTCACCTA CGCTGGCAGT TCCGAACGCC TCGACGCCCTC TCACCGGGTT					
<b>subtipe6.5</b>	GTGTCCCCCA CCCTAGCCAT ACCGAATGCT TCCACGCCCG CAACGGGATT					
<b>Consensus</b>	<b>GCCTCACCCA CCCTGGCGGT TCCGAACGCC TCGACGCCCTC TTACCGGGTT</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	210	220	230	240	250
<b>subtipe6.1</b>	CCGCAAGCAT GTGGACCTCA TGGTGGCGC TGCCGCTTT TGCTCAGCCA					
<b>subtipe6.2</b>	CCGCGGTAC GTGGACCTCA TGGTGGCGC CGCTGTCGTC TGCTCGGCTA					
<b>subtipe6.3</b>	TCTGTGTAC GTGGACCTAA TGGTGGGTGC CGCTGCCGTT TGTCGGCCA					
<b>subtipe6.4</b>	CCGCAAGCAT GTGGACCTGA TGGTGGCGC TGCTGCGTTC TGTCAGCTA					
<b>subtipe6.5</b>	CCGCAAGCAT GTGGACCTTC TTGCGGGCGC CGCAGTGGTT TGCTCATCCC					
<b>Consensus</b>	<b>CCGCAGGCAT GTGGACCTCA TGGTGGCGC CGCTGCCGTT TGCTCAGCCA</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	260	270	280	290	300
<b>subtipe6.1</b>	TGTATGTGGG CGAYCTGTGC GGTGGCTTAT TTTTGGTTGG TCAACTGTG					
<b>subtipe6.2</b>	TGTACGTGGG AGACCTGTGC GGAGGCGCCT TCTTAGTTGG GCAGCTCTC					
<b>subtipe6.3</b>	TGTACGTAGG GGATCTATGT GGGGGTGCCT TCCTCGTCGG CCAGCTCTC					
<b>subtipe6.4</b>	TGTACATAGG TGACTTGTGT GGTGGGTCT TCCTAGTTGG GCAGCTCTC					
<b>subtipe6.5</b>	TGTACATCGG GGATTTGTGC GGCTCTCTCT TTCTGGCGGG ACAACTATTC					
<b>Consensus</b>	<b>TGTACGTAGG GGATCTGTGC GGTGGGTCT TCCTAATTGG GCAGCTCTC</b>					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	310	320	330	340	350
<b>subtipe6.1</b>	ACCGTTACAC CACGCATACA CCAGACAGTC CAGGGCTGCA ATTGCTCCAT					
<b>subtipe6.2</b>	GCCTTCAGGC CCCGCATGCA CCGAACAGTC CAGAGCTGCA ATTGCTCTAT					
<b>subtipe6.3</b>	GTGTTCAAGAC CGCGAGTGCA TCAGATTGCT CAAGACTGCA ATTGTTCCAT					
<b>subtipe6.4</b>	ACATTCAGC CTCGGCTGCA TCGTACAGTC CAAGACTGCA ACTGCTCCGT					

<b>subtipe6.5</b>	ACCTTCCAGC CCCGCCGGCA TTGGACTGTG CAAGACTGCA ACTGCTCCAT
<b>Consensus</b>	<b>ACCTTC</b> AAGC CCCGCATGCA TCGGACAGTC CAAGACTGCA ATTGCTCCAT
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	360 370 380 390 400
<b>subtipe6.1</b>	CTACACAGGC CGCATTACTG GCCATCCCAT GGCCTGGGAY ATGATGATGA
<b>subtipe6.2</b>	CTACACTGGC CGCATCACTG GGCATCCCAT GGCCTGGGAT ATGATGATGA
<b>subtipe6.3</b>	CTACACTGGC CGYATCACTG GCCACCGTAT GGCCTGGGAC ATGATGATGA
<b>subtipe6.4</b>	GTACGTGGC CACATAACAG GACACAGGAT GGCATGGGAT ATGATGATGA
<b>subtipe6.5</b>	CTATACAGGC CACGTACCCGCCATAGGAT GGCCTGGGAC ATGATGATGA
<b>Consensus</b>	<b>CTACACTGGC CGCATCACTG GCCATCCCAT GGCCTGGGAT ATGATGATGA</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	410 420 430 440 450
<b>subtipe6.1</b>	ACTGGTCTCC GACCGCAACC CTTGTCGTCT CCTATGCCAT GCGGGTGCCC
<b>subtipe6.2</b>	ACTGGTCTCC RACTGCAACG TGGGTCGTGT CGTACGCGCT CAGGGYGCC
<b>subtipe6.3</b>	ACTGGTCCCC GACTACCACC CTGATTGTGT CCTACGCTCT CAGGGTGCT
<b>subtipe6.4</b>	ACTGGTGCCTACGGCTGGT CTGATAGTCT CTTACGCCCT ACGCATAACC
<b>subtipe6.5</b>	ACTGGTCACC CACAACCACT CTGGTCCCTAT CTAGCATTG GAGGATAACCT
<b>Consensus</b>	<b>ACTGGTCTCC GACTGCCACT CTGGTGGTGT CCTACGCTCT GAGGGTGCCC</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	460 470 480 490 500
<b>subtipe6.1</b>	CAACTGATCA TCGACGTCTT TGTCGGCGC CACTGGGGCG TGCTCGCTGG
<b>subtipe6.2</b>	CAGCTAATCA TAGACATCTT CGCTGGCGGT CACTGGGGTG TGGCCGCC
<b>subtipe6.3</b>	CAGTTGATTG TCGACATTTTG TGTCGGTGTG CATTGGGGTG TGGTGGCC
<b>subtipe6.4</b>	GAATTAAATCA TGGACATCTT TGTCGGAGGT CATTGGGGTG TGCTGGGC
<b>subtipe6.5</b>	GAGATCTGTG CGAGTGTGAT AATTGGTGGC CATTGGGGGA TACTACTAGC
<b>Consensus</b>	<b>CAGCTGATCA TCGACATCTT TGTCGGTGTG CATTGGGGTG TGGTCGCC</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	510 520 530 540 550
<b>subtipe6.1</b>	CTTGCTGTAT TACAGCATGG TTGCCAATG GGCAAAGTC ATCGGCATTC
<b>subtipe6.2</b>	CCTYCTCTAC TATAGYATGG TTGCCAATG GGCAAAGTC ATCGGCATAC
<b>subtipe6.3</b>	CCTCATTAT TACGGCTTGG CAGGTAATTG GGTGAAAGTC ATCGGCATCC
<b>subtipe6.4</b>	GCTGCTGTAT TATTCCATGG TAGCAAATTG GGCAAAGGTG ATCGCCGTT
<b>subtipe6.5</b>	CGTTGCCCTAC TTGGTATGG CTGGCAACTG GCTAAAAGTT CTGGCTGTT
<b>Consensus</b>	<b>CCTGCTGTAT TATAGCATGG TTGCCAATTG GGCAAAGTC ATCGGCATTC</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	560 570
<b>subtipe6.1</b>	TGCTCCTGTT CGCAGGGGTA GACGCG
<b>subtipe6.2</b>	TTTTCCTGTT TGCAGGGCGTA GACGCA
<b>subtipe6.3</b>	TCTTCCTGTT TGCTGGTGTG GACGCT
<b>subtipe6.4</b>	TCCTTTGTT TGCAGGGGTG GAGGGG
<b>subtipe6.5</b>	TGTTCTGTT TGCAGGGGTT GAAGCA
<b>Consensus</b>	<b>TGTTCTGTT TGCAGGGGTG GACGCG</b>

**Lampiran 5.** Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 1

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	10 20 30 40 50
<b>subtipe1.1</b>	AGTACCCATA CGATAGGGGG GGAGAGTGGC CGCACCGTCA GCAGTTTCGC
<b>subtipe1.2</b>	GGCACCTACA CGACAGGAGG GGCAGGGGC CGCACCCACCC ACAGGCTCGT
<b>subtipe1.3</b>	ACAACCTACA CCAGCAGGGGG GAGCGTCGCT CGGGACGTGC TTGGAATCAC
<b>subtipe1.4</b>	GCCACCATATG CATCAGGGGC GCAGGCGGGC CACACTACCA ACAGGCTTGC
<b>subtipe1.5</b>	GAGACCACGG TCACAGGAGG CTCTGCTGCC CATAACCACGA GCGGCATTGC
<b>Consensus</b>	<b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b> <b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	60 70 80 90 100
<b>subtipe1.1</b>	GGGCTCTTT ACAGCTGGGG CGAAACAGAA GATCCAGCTT GTGAACACCA
<b>subtipe1.2</b>	GTCCCTCCTT ACACCCGGGC CGTCTCAGAA GATCCAGCTT GTGAATACCA
<b>subtipe1.3</b>	CAGGCTCTTC TCTCCGGGGC CCAAGCAGAA TATCCAGCTG ATTAACACCA
<b>subtipe1.4</b>	GTCCTCTTT TCCCCAGGGC CGTCTCAGAA AATCCAACCT GTAAACACCA
<b>subtipe1.5</b>	TGGCCTCTTC CAACCAAGGGC CTAAGCAAAA CATCCAGCTC ATAAATACCA
<b>Consensus</b>	<b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b> <b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	110 120 130 140 150
<b>subtipe1.1</b>	ATGGCAGCTG GCATATCAAC AGGACTGCC TGAACTGCAA TGACTCCCTC
<b>subtipe1.2</b>	ACGGCAGCTG GCACATCAAC AGGACTGCC TGAACTGCAA TGACTCCCTC
<b>subtipe1.3</b>	ACGGCAGTTG GCACATCAAT CGCACTGCCT TGAACTGCAA CGCGAGCCTC
<b>subtipe1.4</b>	ACGGCAGCTG GCACATCAAC AGGACTGCC TGAAATTGCAA TGACTCCCTT
<b>subtipe1.5</b>	ACGGCAGCTG GCACATCAAC AGGACTGCCT TGAACTGTAA TGATAGCCTA
<b>Consensus</b>	<b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b> <b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	160 170 180 190 200
<b>subtipe1.1</b>	AACACTGGGT TCCTTGCTGC GTTGTCTAC ACACATAAGT TCAACCGCTC
<b>subtipe1.2</b>	CACACTGGGT TCCTTGCCGC GCTGTTCTAT ACACACAAAT TCAACCGCTC
<b>subtipe1.3</b>	GACACTGGCT GGGTAGCGGG GCTCCTTTAT TACCAACAAAT TCAACTCTC
<b>subtipe1.4</b>	AACACCGGGT TCCTTGCCGC GCTGTTCTAC ACACGCAAGT TCAACTCGTC
<b>subtipe1.5</b>	CACACCGGGT GGCTAGCATC GCTGTTCTAC ACCACAAAGT TCAACTCTC
<b>Consensus</b>	<b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b> <b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	210 220 230 240 250
<b>subtipe1.1</b>	CGGGTCCCCA GAACGCATGG CCAGCTGCCG CCCCATTGAC GAGTTCGCTC
<b>subtipe1.2</b>	CGGATCCCCA GAGCGCATGG CCAGCTGCCG CTCCATCAGT GAGTTCGATC
<b>subtipe1.3</b>	AGGCTGCCCG GAGAGAATGG CCAGCTGTAA GCCTCTTGCC GATTTCGATC
<b>subtipe1.4</b>	TGGATGCACA GAGCGCATGG CCAGCTGTG TGACTCGCTC
<b>subtipe1.5</b>	SGGGTGTCCT GAAAGGATGG CTAAGTGCCG GCCTCTTAC KACTTCGGCC
<b>Consensus</b>	<b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b> <b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	260 270 280 290 300
<b>subtipe1.1</b>	AGGGATGGGA CCCCATCACT TATACTAAGT CCAACAGCCC GGACCAGAGG
<b>subtipe1.2</b>	AGGGGTGGGG TCCCCTCACT TACGCTGAGC CTAACAGCCC AGACCAGAGG
<b>subtipe1.3</b>	AAGGCTGGGG TCCAATCAGC TACGCCACG GAAGCGGGCC CGAACACCGC
<b>subtipe1.4</b>	AGGGATGGGG TCCCCTCAAT CATGTTGTGC CTAACATCTC GGACCAGAGG
<b>subtipe1.5</b>	AAGGCTGGGG GCCCATTACT TACGGGGGGT CTCTGTGACAK TGAACAAACGG
<b>Consensus</b>	<b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b> <b>subtipe1.1</b> <b>subtipe1.2</b> <b>subtipe1.3</b> <b>subtipe1.4</b> <b>subtipe1.5</b> <b>Consensus</b>
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	310 320 330 340 350
<b>subtipe1.1</b>	CCTTACTGCT GGCACACTACGC ACCTGAGCAG TGTTGGCATGG TGCCCGCGTC
<b>subtipe1.2</b>	CCCTATTGCT GGCACACTACGC GCCTCGACCG TGCGGTATTG TACCCCGCGCG
<b>subtipe1.3</b>	CCCTACTGCT GGCACACTACCC CCCAAAGCCT TGTTGGCATCG TACCAGCACA
<b>subtipe1.4</b>	CCTTATTGCT GGCACACTATGC GCCTCAACCG TGCGGCATTG TGCCCGCGGC

**subtipe1.5** CCATATTGCT GGCACATATGC CCCACCCCCA TGTGGTATTG TGCCAGCGAG  
**Consensus** CCTTATTGCT GGCACATACGC GCCTCAACCG TGTCGGCATTG TGCCCGCGCG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 360 370 380 390 400

**subtipe1.1** GACAGTGTGT GGCCCGGTGT ACTGTTTAC TCCAAGCCCT GTTGTGGTGG

**subtipe1.2** ACAGGTGTGT GGTCCAGTGT ATTGCTTCAC CCCAAGCCCC GTTGTGGTGG

**subtipe1.3** GAGCGTGTGT GGCCCAGTGT ATTGCTTCAC CCCTAGCCCC GTTGTGGTGG

**subtipe1.4** GCAGGTGTGT GGTCCAGTAT ACTGCTTCAC CCCAAGCCCC GTTGTGGTGG

**subtipe1.5** AGAGGTTTGT GGCCCTGTAT ACTGTTTAC ACCTAGTCCC GTGGTAGTGG

**Consensus** GAAGGTGTGT GGCCCAGTGT ACTGCTTCAC CCCAAGCCCC GTTGTGGTGG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 410 420 430 440 450

**subtipe1.1** GGACGACCGA TCGCTCCGGT GTCCCTACAT ATAGCTGGGG GGAGAGTGAG

**subtipe1.2** GGACGACCGA CGCTTCCGGC GCCCCTACAT ATAGCTGGGG GGAGAAATGAG

**subtipe1.3** GAACGACCGA CAAAGCGGGC GCGCCTCTT ACAACTGGGG TAGCAATGAC

**subtipe1.4** GGACGACCGA TCGTTACGGC GTCCCTACGT ATAAATGGGG GGAGAAATGAG

**subtipe1.5** GGACGACCGA TAGGACCGGC GTTCCYACCT ACTCATGGGG CGAGAAATGAG

**Consensus** GGACGACCGA TCGTTCCGGC GTCCCTACAT ATAGCTGGGG GGAGAAATGAG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 460 470 480 490 500

**subtipe1.1** ACAGACGTGC TGCTTCTTAA CAACACCGCGG CGGCCACAGG GCAACTGGTT

**subtipe1.2** ACGGACGTGC TGCTCCTAAA CAACACCGCGG CGGCCGCAAG GCAACTGGTT

**subtipe1.3** ACGGACGTCT TCATCCTTAA TAACACCAGG CCACCGCTGG GCAATTGGTT

**subtipe1.4** ACGGACGTGC TGCTCCTTAA CAACACCGCGG CGGCCGCAAG GCAACTGGTT

**subtipe1.5** ACAGATGTAC TACTCCTCAA CAACTCTAGG CGGCCAATGG GGAATTGGTT

**Consensus** ACGGACGTGC TGCTCCTTAA CAACACCGCGG CGGCCGCAAG GCAACTGGTT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 510 520 530 540 550

**subtipe1.1** CGGCTGTACA TGGATGAATG CCACCGGATT CACCAAGACG TGCGGGGGCC

**subtipe1.2** TGGCTGTACA TGGATGAACA GCACTGGTT CACCAAGACA TGCGGGGGCC

**subtipe1.3** CGGTTGCACC TGGATGAACT CATCAGGATT CACCAAAGTG TGCGGAGGCC

**subtipe1.4** CGGCTGTACA TGGATGAATA ACACCGGGTT CACCAAGACG TGCGGGGGCC

**subtipe1.5** TGGGTGCACG TGGATGAATT CCACCGGCTT CACCAAGACG TGCGGGGGCTC

**Consensus** CGGGGTGTACA TGGATGAATA CCACCGGATT CACCAAGACG TGCGGGGGCC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 560 570 580 590 600

**subtipe1.1** CCCCCGTGTAA CATCGGGGGG AACGGTAACA CCACCTTAAC ATGCCAACG

**subtipe1.2** CCCCCGTGTAA TATCGGGGGG GTCGGCAATA ACACCTTGAC CTGCCAACG

**subtipe1.3** CCCCCTGTGT CATCGGAGGG GTGGGCAATA ACACCTTACA CTGCCAACACT

**subtipe1.4** CCCCCGTGCAA CATCGGGGGG GTCGGCAACA ACACCTTGAC CTGCCAACG

**subtipe1.5** CTGCCGTGTAA CATCGGCGGG AATGGGAACA AGACCTGTCT GTGCCAACACA

**Consensus** CCCCCGTGTAA CATCGGGGGG GTCGGCAACA ACACCTTGAC CTGCCAACG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 610 620 630 640 650

**subtipe1.1** GACTGCTTCC GGAAGCACCC CGAGGCCACT TACACGAAAT GTGGTTCGGG

**subtipe1.2** GACTGCTTCC GGAAGCACCC CGAGGCCACT TACACCAAAT GCGGCTCGGG

**subtipe1.3** GATTGCTTCC GCAAGCATCC GGAAGCCACA TACTCTCGGT GTGGCTCCGG

**subtipe1.4** GATTGCTTCC GGAAGCACCC TGAGGCCACT TACACCAAAT GCGGCTCAGG

**subtipe1.5** GATTGCTTCC GCAAACATCC GGACGCAACG TATATCAGGT GCGGCTCTGG

**Consensus** GATTGCTTCC GGAAGCACCC CGAGGCCACT TACACCAAAT GCGGCTCGGG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 660 670 680 690 700

**subtipe1.1** GCCTTGGTTG ACACCTAGGT GCTTAGTTGA CTACCCATAC AGGCTCTGGC

**subtipe1.2** GCCTTGGTTG ACACCCAGGT GCCTGGTTGA CTACCCATAC AGGCTTTGGC  
**subtipe1.3** TCCCTGGATC ACGCCAGGT GTTGGTCCA CTATCCTTAC AGGTTGTGGC  
**subtipe1.4** GCCTTGGTTG ACACCTAGGT GTATGGTTGA CTACCCGTAT AGACTTTGGC  
**subtipe1.5** CCCCTGGCTT ACCCCTCGAT GTTGGTGGGA CTATCCATAC AGGCTCTGGC  
**Consensus** GCCTTGGTTG ACACCTAGGT GTTGGTGGGA CTACCCATAC AGGCTTTGGC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
710 720 730 740 750

**subtipe1.1** ACTACCCCTG CACTGTCAAT TTTACCATCT TCAAGGTTAG GATGTATGTG  
**subtipe1.2** ACTACCCCTG CACTGTCAAC TTTACCATCT TCAAGGTTAG GATGTATGTG  
**subtipe1.3** ATTATCCTTG TACCGCCAAAC TACACCCCTGT TCAAAGTCAG AATGTACGTC  
**subtipe1.4** ACTACCCCTG CACTGTCAAT TTTACCATCT TCAAGGTCAG GATGTATGTG  
**subtipe1.5** ACTACCCCTG CACAGTCAAT TACACCCCTT TCAAGGTCAG GATGTTCTGTG  
**Consensus** ACTACCCCTG CACTGTCAAT TTTACCCCTCT TCAAGGTCAG GATGTATGTG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
760 770 780 790 800

**subtipe1.1** GGGGGCGTGG AGCACAGGCT CAGTGCTGCA TGCAATTGGA CTCGAGGGGA  
**subtipe1.2** GGGGGTGTGG AGCATAGGCT CAACGCCGCA TGCAACTGGG CTCGGGGAGA  
**subtipe1.3** GGAGGGGTGCG AGCACAGGCT GGAGGCTGCT TGCAACTGGG CGCGGGGGCGA  
**subtipe1.4** GGGGGCGTGG AGCATAGGCT CAACGCCGCG TGCAATTGGA CTCGAGGGAGA  
**subtipe1.5** GGCGGGGTTG AGCACAGGCT CACCGCCGCG TGCAACTGGG CGCGGGGGAGA  
**Consensus** GGGGGCGTGG AGCACAGGCT CAACGCCGCA TGCAACTGGG CTCGGGGAGA

Universitas Esa Unggul Universitas Esa Unggul Universitas Esa Unggul  
 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 810 820 830 840 850  
**subtipe1.1** GCGCTGTAAC CTGGAGGACA GGGATAGGTC GGAGCTTAGC CCGCTGCTGC  
**subtipe1.2** GCGTTGTGAC TTGGAGGACA GGGATAGATC AGAGCTTAGC CCGCTGCTGC  
**subtipe1.3** GCGTTGTGAT CTGGACGACA GGGACAGGTC CGAGCTCAGC CCGCTGCTGC  
**subtipe1.4** GCGGTGCAAC TTGGAGGACA GGGATAGGTC GGAGCTTAGC CCGCTGCTAC  
**subtipe1.5** GCGTTGCGAT TTGGAAGACA GGGATCGAGC CGAGTTGAGC CCCCTGTTGC  
**Consensus** GCGTTGTGAC TTGGAGGACA GGGATAGGTC CGAGCTTAGC CCGCTGCTGC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
860 870 880 890 900

**subtipe1.1** TATCTACAAAC AGAGTGGCAA ATACTGCCCT GTTCCCTTCAC CACCCTACCG  
**subtipe1.2** TGTCCACTAC GGAGTGGCAG GTGCTGCCCT GTTCCCTTCAC CACCCTACCG  
**subtipe1.3** TGTCCACAC ACAGTGGCAA GTCCTCCCCT GTCCTCTTCAC GACCTTGCCA  
**subtipe1.4** TGTCCACGAC AGAGTGGCAG ATACTACCCCT GTTCCCTTTAC CACCCTCCG  
**subtipe1.5** TGTCCACAC GCAATGGCAG ATTCTCCCCCT GCTCATTTAC AACACTGCC  
**Consensus** TGTCCACAC AGAGTGGCAG ATACTGCCCT GTTCCCTTCAC CACCCTACCG

Universitas Esa Unggul Universitas Esa Unggul Universitas Esa Unggul  
 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 910 920 930 940 950  
**subtipe1.1** GCTTTGTCCA CTGGTTTGAT CCATCTCCAT CAGAACATCG TGGACGTGCA  
**subtipe1.2** GCTTTGTCCA CTGGTCTGAT CCATCTCCAC CGAACATCG TGGACGTGCA  
**subtipe1.3** GCTTTGACTA CCGGCCTCAT CCACCTCCAC CAGAACATCG TGGACGTGCA  
**subtipe1.4** GCCCTGTCCA CCGGGTTAAT TCACCTCCAT CAGAACATCG TGGACGTGCA  
**subtipe1.5** GCCCTGTCAA CCGGCCTGAT ACACCTCCAC CAGAACATCG TGGACGTGCA  
**CONSENSUS** GCTTTGTCCA CCGGTCTGAT CCACCTCCAC CAGAACATCG TGGACGTGCA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
960 970 980 990 1000

**subtipe1.1** ATACCTGTAC GGTATAGGGT CAGCGGTGCG CTCCCTATGTA ATCAAATGGG  
**subtipe1.2** ATACCTATAT GGTGTGGGT CGGCGTTTGT CTCCCTTGTTG ATCAAGTGGG  
**subtipe1.3** ATATTGTAC GGGGTGGGGT CAAGCATTGT GTCCCTGGGCC GTCAAGTGGG  
**subtipe1.4** ATACCTGTAC GGTGTAGGGT CAGTGGTTGT CTCCGTGCA ATCAAGTGGG  
**subtipe1.5** GTACCTTTAC GGGCTGAGCT CGGTAGTCAC ATCCTGGGCC ATAAAGTGGG  
**CONSENSUS** ATACCTGTAC GGTGTGGGGT CAGCGGTGCG CTCCCTGTGCC ATCAAGTGGG

....|....|....|....|....|....|....|....|....|  
 1010      1020      1030      1040      1050  
**subtipe1.1** AGTATGTCCT CTTGCTTTTC CTTCTCCTGG CAGATGCGCG CATCTGTGCC  
**subtipe1.2** AGTACGTCCT GTTGCTCTTC CTTCTCCTGG CGGACGCGCG CGTCTGTGCC  
**subtipe1.3** AATACGTCGT TCTCCTGTTT CTCCTGCTTG CAGACGCGCG CATCTGCTCC  
**subtipe1.4** AGTATGTCGT GCTGCTCTTC CTCCCTTTGG CGGACGCGCG CGTCTGCC  
**subtipe1.5** AGTACGTCGT GCTCCTCTTC TTGTTGCTAG CGGATGCCCG CATTGTGCC  
**CONSENSUS** **AGTACGTCGT** **GCTCCTCTTC** **CTCCTGCTGG** **CGGACGCGCG** **CATCTGTGCC**

....|....|....|....|....|....|....|....|  
 1060      1070      1080  
**subtipe1.1** TGCTTGTGGA TGATGCTACT GATAGCCCAG GCTGAGGCC  
**subtipe1.2** TGCTTGTGGA TGATGCTGCT GATAGCTAG GCTGAGGCC  
**subtipe1.3** TGTTTGTGGA TGATGCTACT CATATCCAA GCGGAGGCA  
**subtipe1.4** TGCTTGTGGA TGATGCTACT GGTAGCCCAG GCTGAGGCC  
**subtipe1.5** TGCTTATGGA TGATGCTTCT CATATCTCAG GTAGAGGCG  
**CONSENSUS** **TGCTTGTGGA** **TGATGCTACT** **GATAGCCCAG** **GCTGAGGCC**

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas 38  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

**Lampiran 6.** Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 2

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	10	20	30	40	50
<b>subtipe2.1</b>	GRAACCCATG TCACCGGGG AACAGCAGGT CAMGCTGCTT ACRGSATG-A					
<b>subtipe2.2</b>	CATACCAACG TCATTGGGG CCAGGTGGGG CGCACCGCCA GTAGCCTT-A					
<b>subtipe2.3</b>	CGTACTACAA TTGTTGGGG TGTCGTTGGG AGCGGCACCC GCGGCCTT-G					
<b>subtipe2.4</b>	AGCACCCAGA CCATCGGG AGAACGGAGT CAWAGTG-TG GCGGGATTG					
<b>subtipe2.5</b>	AGTACCAGGA TTACGGGTGG CTCAGCAGCA CTTACCACCT CGCAGTTC-A					
<b>CONSENSUS</b>	CGTACCAAGA TTATGGGGG ACAAGGGGG CGCACCGCCT GCGGCATT-A					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	60	70	80	90	100
<b>subtipe2.1</b>	CTAGCTTCTT CACGCKCGGT CCCCAGCAGA AAATCGCTCT AATTAATACC					
<b>subtipe2.2</b>	ATAGCTTGTG CACCGTCGGC GCTAACCGAGA ACATCCAGCT GATCAACTCC					
<b>subtipe2.3</b>	CTGGCATGTT CACGCCTGGC GCCAACAGAGA ATATCCAGCT CATCAACACC					
<b>subtipe2.4</b>	CCAGCCTCTT TACCTCTGGT GCCAACAGAGA AAATCCAGTT AATCAACACT					
<b>subtipe2.5</b>	CCGGGTTCTT CACACGCGGG CCTAGCCAGA ACATCCAGCT CGTCRCACC					
<b>CONSENSUS</b>	CTAGCTTCTT CACGCTCGGT GCCAACAGAGA ACATCCAGCT AATCAACACC					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	110	120	130	140	150
<b>subtipe2.1</b>	AATGGCAGTT GGCACATAAAA CCGGACTGCC CTYAATTGCA ATGACAGCTT					
<b>subtipe2.2</b>	AATGGCAGTT GGCACATCAA CCGCACTGCT CTGAACATGCA ATGACTCTCT					
<b>subtipe2.3</b>	AATGGCAGCT GGCACATCAA CCGCACCGCC CTGAACATGCG ATGATTCTTT					
<b>subtipe2.4</b>	AATGGCAGCT GGCACATAAAA CCGGACCGCC CTCAATTGCA ATGACAGCTT					
<b>subtipe2.5</b>	AACGGGAGCT GGCATATCAA CCGCACGGCT CTGAACATGCA ATGACAGCCT					
<b>CONSENSUS</b>	AATGGCAGCT GGCACATCAA CCGCACTGCC CTGAACATGCA ATGACAGCTT					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	160	170	180	190	200
<b>subtipe2.1</b>	GCAGACGGGT TTCCTCGCTT CCCTGTTTTA CACCAACAAC TTCAACAGCT					
<b>subtipe2.2</b>	GAACACCGGC TTCCTCGCGT CCCTGTTCTA CACCAATCGC TTCAACTCGT					
<b>subtipe2.3</b>	GCAAAACGGGC TTGTGCGGT CCCTATTCTA TACCCATCGC TTCAACTCAT					
<b>subtipe2.4</b>	GAAGACGGGW TTCATCGCTG CCCTGTTTTA CACCCATAGT TTCAACAGCT					
<b>subtipe2.5</b>	GAATACTGGC TTATCGCGG CGCTTCTTTA CGCCAACAAG TTCAACTCTT					
<b>CONSENSUS</b>	GAAGACGGGC TTCCTCGCGT CCCTGTTTTA CACCAATAGC TTCAACTCCT					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	210	220	230	240	250
<b>subtipe2.1</b>	CTGGTTGCC CGAGCGCTTG TCTTCCTGCC CGGGGCTGGA CGATTTCGC					
<b>subtipe2.2</b>	CGGGATGCC AGAACGCTG GCATCCGCC GTAGGATTGA GGCCTTCAGG					
<b>subtipe2.3</b>	CAGGATGTCC TGACCGCTG GCTGCCCTGCC GCGACATTCA GGCCTTCGG					
<b>subtipe2.4</b>	CCGGCTGTCC CGAGCGCATG TCTTCCTGCC GTGAGCTGGA CGACTTTCGC					
<b>subtipe2.5</b>	CGGGGTGTCC GAAGCGTTTG GCCGCTTGCC GCGACATCAC TTCCCTCCGG					
<b>CONSENSUS</b>	CGGGATGTCC CGAGCGCTG GCTTCCTGCC GCGAGATTGA CGCCTTCGG					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	260	270	280	290	300
<b>subtipe2.1</b>	ATCGGGTGGG GAACCTTGGG ATACGAGACT AATGTCATCA ATGATGAGAA					
<b>subtipe2.2</b>	ATAGGATGGG GCACTCTGCA ATATGAGCAC AATGTCACCA ATTCAAGAGGA					
<b>subtipe2.3</b>	ATAGGATGGG GTACCTTGCA GTACGAGGAT AACGTCACCA ATCCCGAGGA					
<b>subtipe2.4</b>	ATTGGGTGGG GAACCTTGGG ATATGAGACT AATGTCATCA ATGATGAGGA					
<b>subtipe2.5</b>	ATTGGCTGGG GAGACTTGGG GTACGAGGAG AATGTCACCA ACCCCGAGAA					
<b>CONSENSUS</b>	ATTGGGTGGG GAACCTTGC AATACGAGGAT AATGTCACCA ATCCTGAGGA					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	310	320	330	340	350
<b>subtipe2.1</b>	CATGAGGCCG TACTGCTGGC AYTACCCCTCC AAAGCCTTGC GGTATCGTCC					
<b>subtipe2.2</b>	TATGAGACCA TACTGCTGGC ATTATCCACC CAAACCTTGT GGTATAGTCC					
<b>subtipe2.3</b>	TATGAGACCA TATTGCTGGC ACTACCCACC AAAACGGTGT GGCATAATCC					

**subtipe2.4** CATGAGGCCA TACTGCTGGC ATTACCCCTCC AAAGCCTTGC GGTATCGTCC  
**subtipe2.5** TATGAGGCCA TACTGCTGGC ACTACCCGCC CAAACCGTGT GGTGTGGTGC  
**CONSENSUS** TATGAGACCA TACTGCTGGC ATTACCCACC AAAACCTTGT GGTATCGTCC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 360 370 380 390 400

**subtipe2.1** CGGCTAGGAG TGTCTGCAGG CCGGTCTACT GTTTTACTCC CAGCCCTGTT  
**subtipe2.2** CCGCGAGGTC TGTGTGTGGC CCGGTGTACT GTTCACACC CAGCCCAGTA  
**subtipe2.3** CTGCGCGCTC TGTGTGCAGG CCGGTGTACT GTTCACCCCC CAGTCCAGTG  
**subtipe2.4** CGGCTAGGAC GGTTCAGG CCGGTCTACT GTTTTACCCCC TAGCCCTGTT  
**subtipe2.5** CTGCCAAATC TGTATGTGGY CCGGTGTATT GTTCACCCCC CAGTCCCGTGA  
**CONSENSUS** CGGCTAGGTC TGTGTGCAGG CCGGTGTACT GTTCACCCCC CAGCCCAGTG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 410 420 430 440 450

**subtipe2.1** GTCGTGGGCA CCACTGACAG ACAGGGCGTG CCTACCTACA CCTGGGGGGGA  
**subtipe2.2** GTAGTGGGCA CGACCGACAG GCGTGGAGTG CCCACTTACA CGTGGGGGGGA  
**subtipe2.3** GTAGTGGGCA CGACCGACAA ACGTGGAGTG CCCACTTACA CGTGGGGAGA  
**subtipe2.4** GTCGTGGGCA CCACTGACAA GCAGGGCGTA CCCACCTATA ACTGGGGAGA  
**subtipe2.5** GTGGTGGGCA CGACCGACAG ACTTGGGGTG CCCACCTACT CCTGGGGGGG  
**CONSENSUS** GTCGTGGGCA CGACCGACAG ACGTGGAGTG CCCACCTACA CCTGGGGGGGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 460 470 480 490 500

**subtipe2.1** AAATGACACC GATGTCTTCC TGCTAAATAG CACAAGACCC CCGCAAGGGAG  
**subtipe2.2** GAATGAGACG GACGTCTTCC TACTGAACAG CACCCGGCCA CGCGGGGGGT  
**subtipe2.3** GAATGAGACG GATGTCTTTC TGTTGAACAG CACCCGGCCA CGCGAGGGAT  
**subtipe2.4** AAACGAGACC GATGTCTTCC TGCTGAACAG CACAAGACCC CCGCAAGGGAG  
**subtipe2.5** TGGTGATAAG GATGTCTTCC TGCTAAATAG CACCCGGCCA CGAAAGGCG  
**CONSENSUS** GAATGAGACG GATGTCTTCC TGCTGAACAG CACCCGGCCA CGCGCAAGGGAG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 510 520 530 540 550

**subtipe2.1** CCTGGTTCGG CTGCACTTGG ATGAAYGGGA CTGGATTAC CAAGACATGT  
**subtipe2.2** CATGGTTCGG CTGTACGTGG ATGAACCTCA CTGGCTTCAC CAAGACTTGT  
**subtipe2.3** CATGGTTCGG CTGCACGTGG ATGAACCTCA CTGGCTTCAC CAAGACTTGC  
**subtipe2.4** CTTGGTTCGG CTGCACTTGG ATGAATGGGA CTGGGTTTCAC TAAGACATGC  
**subtipe2.5** CCTGGTTGG GTGCACTTGG ATGAATGATA CGGATACAC TAAGACATGC  
**CONSENSUS** CCTGGTTCGG CTGCACTTGG ATGAATGGGA CTGGATTAC CAAGACATGC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 560 570 580 590 600

**subtipe2.1** GGCGCACAC CGTGCCGCAT TAGGAAAGAT CACAACAGTA CCCTTGACCT  
**subtipe2.2** GGCGCACAC CTTGCCGCAT TAGAGCTGAT TTCAATGCCA GCACGGACCT  
**subtipe2.3** GGCGGCCAC CTTGCCGCAT CAGAGCTGAT TTCAATGCCA GCACGGACCT  
**subtipe2.4** GGCGCACAC CTTGCCGCAT TAGGAGGGAT TACAACAGCA CCCTCGATCT  
**subtipe2.5** GGTGCTCCAC CCTGCCGCAT CAGGAAGGAC TTCAACGCCA GCGAAGACCT  
**CONSENSUS** GGCGCACAC CTTGCCGCAT TAGGACTGAT TTCAACGCCA GCACGGACCT

**Universitas Esa Unggul**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 610 620 630 640 650

**subtipe2.1** ACTGTGCCCC ACAGACTGTT TTAGGAAGCA CCCAGACACT ACCTATCTCA  
**subtipe2.2** GTTGTGCCCC ACGGACTGTT TTAGGAAACA CCCTGACGCC ACTTACATCA  
**subtipe2.3** GCTGTGCCCC ACGGACTGTT TTAGGAAGCA TCCTGAAGCC ACTTACCTCA  
**subtipe2.4** ATTATGCCCC ACAGATTGTT TTAGGAAGCA CCCAGATACA ACTTATCTTA  
**subtipe2.5** GCTTTGCCCC ACTGACTGCT TCAGAAAACA TCCTGACGCG ACTTACATTA  
**CONSENSUS** GCTGTGCCCC ACAGACTGTT TTAGGAAGCA CCCTGACGCC ACTTACCTCA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 660 670 680 690 700

**subtipe2.1** GGTGCGGAGC AGGGCCTTGG TTAACCCCCA AATGCCTAGT GGATTACCT  
**subtipe2.2** AGTGTGGCTC CGGGCCCTGG CTCACGCCA GATGCCTGGT CGACTACCC  
**subtipe2.3** AGTGTGGTTC CGGGCCCTGG CTCACGCCA GGTGCCTGGT CGATTACCC  
**subtipe2.4** AGTGCGGGC AGGGCCTTGG TTGACCCCCA GGTGCCTGGT AGACTACCT  
**subtipe2.5** AGTGTGGGC CGGGCCCTGG TTGACTCCA AGTGCCTGGT CCATTACCC  
**CONSENSUS** **AGTGTGGGC CGGGCCCTGG TTGACCCCCA GGTGCCTGGT CGATTACCC**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
710 720 730 740 750

**subtipe2.1** TATAGATTGT GGCACATATCC GTGCACTGTG AATTTTACCA TCTTCAAGGT  
**subtipe2.2** TACAGGCTCT GGCACATACC CTGCACAGTC AACTATAGCA TCTTCAAGAT  
**subtipe2.3** TACAGACTCT GGCACATACC CTGCACAGTT AACTTTACCA TCTTCAAGAT  
**subtipe2.4** TATAGATTGT GGCATTATCC GTGCACTGTG AATTTTACCA TCTTCAAGGT  
**subtipe2.5** TATAGATTGT GGCATTACCC ATGCACAGTA AACTACACTC TTTTTAAAT  
**CONSENSUS** **TATAGATTGT GGCACATACC CTGCACAGTC AACTTTACCA TCTTCAAGAT**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
760 770 780 790 800

**subtipe2.1** GCGGATGTAC GTAGGGGGGG TGGAGCATCG GTTGACCGCA GCATGCAACT  
**subtipe2.2** AAGGATGTAC GTGGGGGGGG TTGAACACAG GCTTACAGCT GCCTGTAACT  
**subtipe2.3** AAGAACATAT GTGGGGAGGG TTGAGCACAG GCTCACGGCC GCATGCAATT  
**subtipe2.4** GCGGATGTAT GTAGGGGGAG TGGAGCACCG GCTCAACGCC GCGTGTAACT  
**subtipe2.5** AAGGATGTTA ATAGGGGGGG TCGAGCACAG GCTCCAGGCT GCGTGCAACT  
**CONSENSUS** **AAGGATGTAC GTAGGGGGGG TGGAGCACAG GCTCACCGCT GCGTGCAACT**

Universitas

Universitas

Universitas

Esa Unggul

Esa Unggul

Esa Unggul

**subtipe2.1** TCACCGCGGG GGACCGCTGC AATTTGGAAG ATAGGGACAG GGGTCAGCAA  
**subtipe2.2** TCACCCCGGG GGATCCTTGC AACTTGATG ACAGAGACAG AAGTCAACTG  
**subtipe2.3** TCATTCTGTG GGATCGTGC GACTTGGAAG ACAGAGACAG AGGTCAAGTG  
**subtipe2.4** TCACCGCGGG AGACCGCTGT AGATTGGAAG ATAGGGATAG GGGTCAGGAG  
**subtipe2.5** TCACTCGTGG AGATCGTGC AACCTGGAGG ATAGGGACAG AAGCCAGCTG  
**CONSENSUS** **TCACTCGCGG GGATCGTGC AACTTGGAAG ATAGGGACAG AGGTCAAGCTG**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
810 820 830 840 850

**subtipe2.1** AGTCCGCTGC TGCATTCCAC CACCGAATGG GCGGTGTTGC CATGCTCTT  
**subtipe2.2** TCCCCCTTGT TGCACTCTAC CACGGAGTGG GCCATCTTGC CCTGCACTTA  
**subtipe2.3** TCTCCCTTGT TGCACTCCAC CACGGAATGG GCCATTTTAC CTTGCTCTTA  
**subtipe2.4** AGCCCCTTGC TGCACTCCAC CACTGAATGG GCGGTGTTGC CATGCTCTT  
**subtipe2.5** AACCCGCTGC TCCATTCCAC CACGGAGTGG GCCATTTTGC CTTGCACTATA  
**CONSENSUS** **AGCCCCTTGC TGCACTCCAC CACGGAATGG GCCATTTTGC CATGCTCTTA**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
860 870 880 890 900

**subtipe2.1** CTCCGACCTA CCGGCACTAT CCACTGGTTT ATTGCATCTC CACCAAAACA  
**subtipe2.2** CTCTGACCTG CCCGCCTTGT CGACCGGTCT CCTCCACCTC CACCAAAACA  
**subtipe2.3** CTCAGACCTG CCTGCTCTGT CGACTGGCCT CCTTCACCTC CACCAAAACA  
**subtipe2.4** CTCCGACYTG CCGCGTTAT CCACTGGTCT ATTACACCTC CACCAAAAYA  
**subtipe2.5** CTCAGACCTA CCGGCTTAT CCACCGCCT TCTGCACCTC CACCAAAACA  
**CONSENSUS** **CTCAGACCTG CCGGCTTAT CCACTGGTCT ATTGCACCTC CACCAAAACA**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
910 920 930 940 950

**subtipe2.1** TCGTTGACGT GCAATACCTC TATGGACTTT CTCCAGCTAT CACAAGRITC  
**subtipe2.2** TCGTGACGT GCAATACATG TACGGCTTT CACCAAGCCGT CACGAAGTAC  
**subtipe2.3** TCGTGACGT GCAATACATG TATGGCTAT CACCTGCCCT CACAAGATAC  
**subtipe2.4** TTGTGGACGT GCACTACCTT TATGGCTTT CTCCGGCTAT CACAAGATAC  
**subtipe2.5** TCGTGACGT GCACTACATG TATGGCTGT CACCAAGCTC CACGAATAC  
**CONSENSUS** **TCGTGGACGT GCAATACATG TATGGCTTT CACCAAGCTAT CACAAGATAC**

Universitas

Universitas

Universitas

Esa Unggul

Esa Unggul

Esa Unggul

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 1010 1020 1030 1040 1050  
**subtipe2.1** ATCGTGAAGT GGGATGGGT GATTCTCCTT TTCCCTGTTGC TGGCAGATGC  
**subtipe2.2** ATAGTCGGT GGGAGTGGGT AGTGCCTTG TTCCCTGCTCT TGGCGGACGC  
**subtipe2.3** ATCGTCCGAT GGGAGTGGGT AGTACTCTTA TTCCCTGCTCC TAGCGGACGC  
**subtipe2.4** ATTGTGAAGT GGGATGGGT GGTCTCCTT TTCCCTGTTGC TGGCAGACGC  
**subtipe2.5** GTCGTCAGT GGGAGTGGGT CATTCTCTG TTCTTACTCC TAGCAGATGC  
**CONSENSUS** ATCGTCAAGT GGGAGTGGGT **GGTTCTCCTT** TTCCCTGCTCC **TGGCAGACGC**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 Universitas Esa Unggul Universitas Esa Unggul Universitas Esa Unggul  
 1060 1070 1080 1090 1100  
**subtipe2.1** TAGGGTATGT GCATGCCCTT GGATGCTCAT TATACTGGGC CAGGCCGAGG  
**subtipe2.2** CAGGGTCTGT GCCTGTGTAT GGATGCTCAT CCTGCTGGGC CAAGCCGAGG  
**subtipe2.3** CAGGGTCTGC GCCTGCGTGT GGATGCTCAT CCTGCTGGGC CAAGCCGAAG  
**subtipe2.4** CAGGGTCTGC GCATGTCTCT GGATGCTAAT TATACTGGGC CAGGCCGAGG  
**subtipe2.5** CAGGGTTTGC GCCTGTCTGT GGATGCTTAT CCTGTTGGGC CAGGCTGAGG  
**CONSENSUS** CAGGGTCTGC GCCTGTCTGT **GGATGCTCAT** CCTGCTGGGC **CAAGCCGAGG**

..  
**subtipe2.1** CG  
**subtipe2.2** CA  
**subtipe2.3** CA  
**subtipe2.4** CA  
**subtipe2.5** CC  
**CONSENSUS** CA

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas 42  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

## Lampiran 7. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 3

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	10	20	30	40	50
<b>subtipe3.1</b>	CACACGAACG	TCATCGGCAG	TAATGGGGA	AGCACCGCTCT	TCAGCATCCA	
<b>subtipe3.2</b>	CGAACACACA	CCACTGGCGG	CGTAKCAGCT	CATACTACTA	GTAGCCTTAC	
<b>subtipe3.3</b>	-TTACGTACA	TCACTGGGGG	CACTGCAGCT	CGTGGGGGCC	AAGGGCTGGC	
<b>subtipe3.4</b>	ARCACATATR	CCWCCGGTGG	TGCTGYGGCT	CRTCAAGGCC	ACRCAYTTAC	
<b>subtipe3.5</b>	GACACGTACG	TCAGTGGTGG	CTCCGCCCCC	CGCGCTGCCT	ACGGGCTTGC	
<b>CONSENSUS</b>	CACACGTACG	TCACTGGTGG	CGCTGGGCT	CGTACGGCCC	ACGGCCTTAC	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	60	70	80	90	100
<b>subtipe3.1</b>	GCGCATCTTT	TCCCCCGGTG	CGGCACAGAG	GATCCAATTG	ATCAACACAA	
<b>subtipe3.2</b>	ARCCCTCTTC	AMYCKAGGCC	CGAGCCAGAA	MCTCCAGCTA	ATTAACACCA	
<b>subtipe3.3</b>	TAGCCTAATC	GTCCGGGGGC	CTGAGCAGCG	CCTGGAGCTG	ATCAACACCC	
<b>subtipe3.4</b>	CAGCCTTTTT	ASTYTGGGTS	CCAATCAGAA	TTTRCAGCTR	ATCAACACCA	
<b>subtipe3.5</b>	GGGGCTGTTG	GCCCAGGGCC	CGAACACAGAA	CCTGCAATTG	GTGAATTCCA	
<b>CONSENSUS</b>	GGGCTCTTC	ACCCGGGGCC	CGAAACAGAA	CCTGCAGCTG	ATCAACACCA	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	110	120	130	140	150
<b>subtipe3.1</b>	ATGGATCGTG	GCACGTAAAT	AGCACTGCTC	TGAAC TGCAA	CGACTCGTTG	
<b>subtipe3.2</b>	ACGGGTCGTG	GCATATCAAC	AGCACTGCC	TGAAC TGCAA	AGACTCCCTY	
<b>subtipe3.3</b>	ATGGCTCGTG	GCACATCAAC	AGTACTGTCC	TCCACTGCAA	TGAGTCCATA	
<b>subtipe3.4</b>	ACGGCTCGTG	GCACATCAAC	AGAACTGCC	TGAAYTGCAA	TGATTCCATA	
<b>subtipe3.5</b>	ACGGGTCGTG	GCACATCAAC	AGGACCGCTC	TGAATTGCAA	CGATTCCCTA	
<b>CONSENSUS</b>	ACGGGTCGTG	GCACATCAAC	AGCACTGCC	TGAAC TGCAA	TGATTCCATA	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	160	170	180	190	200
<b>subtipe3.1</b>	CAAAC TGGCT	TCATAGCGGG	GTTATTCTAC	AGTTACAAAT	TCAATGCCAC	
<b>subtipe3.2</b>	AACACCGGAT	TTATAGCTGG	TCTAATCTAC	CATCACAGGT	TCAACTCTAC	
<b>subtipe3.3</b>	AACACAGGGT	TTATAGCTGG	GTTGTTTAT	TATCATAAGT	TCAACTT-AC	
<b>subtipe3.4</b>	AACACCGGGT	TCATAGCTGG	GCTATTAT	TATCACAGGT	TCAATTCCAC	
<b>subtipe3.5</b>	AACACTGGGT	TCATAGCAGG	ACTTATCTAC	TATCATAGGT	TCAACGCCAC	
<b>CONSENSUS</b>	AACACCGGGT	TCATAGCTGG	GCTATTCTAC	TATCACAGGT	TCAACTCCAC	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	210	220	230	240	250
<b>subtipe3.1</b>	GGGGTGCCT	GAGGCACTAT	CCAGCTGTAA	GTCTATCRCA	TACTTGACC	
<b>subtipe3.2</b>	AGGTTGTCCG	TCCAGGATGT	CCATGTCAA	ACCCATCACT	GCATTGACC	
<b>subtipe3.3</b>	TGGATGTCCC	G-AAGGCTCA	GCAGCTCAA	GCCCATCACT	TTCTTCAGGC	
<b>subtipe3.4</b>	CGGATGCCCT	GGAAAGGCTCA	GCAGCTCAG	GCCCATCACT	TCCTTCAGGC	
<b>subtipe3.5</b>	GGGGTGTCCA	GCTCGCATAT	CCACATGCAA	GCCCATCACA	GCCTTCAGGC	
<b>CONSENSUS</b>	GGGATGTCT	GCAAGGCTCT	CCAGCTCAA	GCCCATCACT	TCCTTCAGGC	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	260	270	280	290	300
<b>subtipe3.1</b>	AGGGATGGGG	CCCTTGACA	GACGAAACA	TC-ACGGACC	CCTCGGAAGA	
<b>subtipe3.2</b>	AAGGGTGGGG	TCCTTGAGG	AGTGCTAAC	TC-TCAGGCA	GCTCAGAGGA	
<b>subtipe3.3</b>	AGGGGTGGGG	CCCCTTGACA	GATGCCAAC	TCCACCGGCC	CTTCTGATGA	
<b>subtipe3.4</b>	AAGGGTGGGG	CCCCTTGACA	GATGCTAAC	TC-AGCGGTT	CCTCTGCTGA	
<b>subtipe3.5</b>	AGGGGTGGGG	TCCACTGACA	GATGCTAAC	TT-TCTGGCT	CCAGTGAGGA	
<b>CONSENSUS</b>	AGGGGTGGGG	CCCTTGACA	GATGCCAAC	TC-ACCGGCT	CCTCTGAGGA	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	310	320	330	340	350
<b>subtipe3.1</b>	CCGGCCTAC	TGCTGGCACT	ATCCACCAA	GCCTTGAAA	ATAGTCCCCG	
<b>subtipe3.2</b>	CCGACCATAC	TGCTGGCACT	ATCCACCCAG	GCCTTGCAA	ACAGTCCCTG	
<b>subtipe3.3</b>	CAA-CCGTAC	TGCTGGCA-T	ACGCACCTAG	ACCTTGTCAC	AGCGTAA-AG	
<b>subtipe3.4</b>	CAAACCGTAC	TGCTGGCACT	ACGCACCTAG	ACYTTGCGAT	ATTGTCCCCG	

**subtipe3.5** CAGACCATAAC TGCTGGCACT ACCCACCCAG GCCCTGCAGG ACAATCAGAG  
**CONSENSUS** CAGACCATAAC TGCTGGCACT ACCCACCCAG GCCTTGCAGG ATAGTCCCAG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 360 370 380 390 400

**subtipe3.1** CGAACGCTGT CTGCGGTCCG GTCTACTGTT TTACTCCATC GCC-AGTAGT  
**subtipe3.2** CAGGGACCGT TTGTGGGCCA GTCTACTGCT TCACACCGTC ACC-GGTGGT  
**subtipe3.3** CAGCACGTGT CTCCGGTCCT GTGTATGCTT CCACACCATC GCCCAGTGGT  
**subtipe3.4** CAGCAAATGT CTGTGGCCCC GTGTATTGCT TCACACCATC GCC-AGTGGT  
**subtipe3.5** CATTGACAGT TTGGGGGCCA GTCTACTGCT TTACACCGTC GCC-GGTAGT  
**CONSENSUS** CAGCGACTGT CTGCGGCCCT GTCTACTGCT TCACACCATC GCC-AGTGGT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 410 420 430 440 450

**subtipe3.1** GGTTGGCAC CACGACAAGC GCGGCGTGCC GACTTACACT TTCGGCGAGA  
**subtipe3.2** GGTAGGCAC ACCGATAGGC TGGGCTCGCC AACCTACAMC TTTGGCGAGA  
**subtipe3.3** GGTAGGCAC ACTGATCCTA AGGGCGCTCC CACCTATAAC TGGGGCGAGA  
**subtipe3.4** CGTAGGCAC ACTGATGTTA AGGGCGTCCC AACCTACACC TGGGGCGAGA  
**subtipe3.5** GGTGGGCACC ACCGATGCCA GAGGCTCGCC AACCTACAAAC TTTGGTGAGA  
**CONSENSUS** GGTAGGCAC ACCGATGCTA GGGGCGGCC AACCTACAAAC TTTGGCGAGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 460 470 480 490 500

**subtipe3.1** ATGAGACAGA CGTGCTGCTG TTGGAGTCCC AACGACCCCC CTCTGGTGGT  
**subtipe3.2** ACGAAACAGA CGTGTTCCTG CTTGATTAC AACGACCGCC TTCGGGTAGG  
**subtipe3.3** ATGAGACAGA CGTGTTCCTG CTGAA-TCCC TGCGGCCTCC TAGTGGTCGG  
**subtipe3.4** ATGAAACAGA TGTTTCTCTG CTGAAGTCCC TGCGGCCTCC CAGCGGTCA  
**subtipe3.5** ATGAGACTGA TGTTTCTCTG CTGAACCTCCT TGAGGCCCCC CCAAGGCCGG  
**CONSENSUS** ATGAAACAGA CGTGTTCCTG CTGAAGTCCC TGCGGCCTCC CAGTGGTCGG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 510 520 530 540 550

**subtipe3.1** TGGTTCGGCT G-TGCGTGG- ATGAACCTCA C-GGGGTTCG TGAAGACGTG  
**subtipe3.2** TGGTTCGGGT G-CGTGTGG- ATGAACCTCA C-CGGGTTTG TGAAACACGTG  
**subtipe3.3** TGGTTTGGGT GGACACGTGGG AGGAACCTCA CCGGGGTTTG TCAAGACGTG  
**subtipe3.4** TGGTTTGGGT G-TGCGTGG- ATGAACCTCA C-AGGGTTTC TCAAGACGTG  
**subtipe3.5** TGGTTTGGGT G-TGTGTGG- ATGAATGGTA C-GGGGTTCG TGAAGACCTG  
**CONSENSUS** TGGTTTGGGT G-TGCGTGG- ATGAACCTCA C-GGGGTTTG TCAAGACGTG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 560 570 580 590 600

**subtipe3.1** CGG-CGCCCC CCCCTGCAAT ATCTATGGGG GCGTGCAGGG GAGC-----  
**subtipe3.2** CGG-GGCTCC TCCTTGCAGGC ATCTATGGAG G---GGAGCA GAGTTCTGGA  
**subtipe3.3** CGGAGGTTCC CCCCCGTGAC ATCTATGGGG G--TGGGGGG GAGATCCACC  
**subtipe3.4** CGGAGGC-CC CCCCCGTGAC ATCTATGGGG G--TGGGGGG -AACCRGRVG  
**subtipe3.5** CGG-GGCCCC CCCCCGTGCAAC ATCTATGGGG GGATGGAGGG CACTGAAGGA  
**CONSENSUS** CGG-GGCCCC CCCCCGTGCAAC ATCTATGGGG G--TGGGGGG GAGTTCCAGGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 610 620 630 640 650

**subtipe3.1** AAAAACACGT CTCTTATCTG CCCCCACTGAC TGCTTCAGGA AACATCCCTGG  
**subtipe3.2** AGCAATAACT CGCTTATTTG CCCCCACTGAC TGCTTCAGGA AGCACCCCGA  
**subtipe3.3** AATGGTTCACT ACCTCTTCTG CCCCCACCGAC TGCTTCAGGA AACATCCCGA  
**subtipe3.4** AATGAGTCAG ACCTCTTCTG CCCCCACCGAT TGCTTCAGGA AACATCCCTGA  
**subtipe3.5** AATCAGACCT TTCTTAAGTG TCCTACCGAT TGTTTTAGAA AGCACCCCGC  
**CONSENSUS** AATGAGACCT ACCTTATCTG CCCCCACCGAC TGCTTCAGGA AACATCCCGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 660 670 680 690 700

**subtipe3.1** TGCTACTTAC AGTCGGTGCG GATCTGGACC CTGGCTTACCGCGGGTGCT

**subtipe3.2** TGCYACTTAY GGCCGGTGCG GATCCGGGCC CTGGCTTACG CCGAGGTGCT  
**subtipe3.3** GGCCACATAC AGCCGGTGCG GCTCGGGGCC CTGGTTGACA CCTCGATGCA  
**subtipe3.4** GGCCACATAC AGCCGGTGCG GTGCAGGGCC CTGGTTGACA CCTCGATGCA  
**subtipe3.5** TGCCACGTAC ACTCGCTGCC GGTCTGGACC CTGGCTCACG CCAAGGTGTC  
**CONSENSUS** **TGCCACATAC** **AGCCGGTGCG** **GATCTGGGCC** **CTGGCTGACG** **CCTCGGTGCT**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
710 720 730 740 750

**subtipe3.1** TGGTTGACTA CCCGTACCGG CTCTGGACT ACCCTTGAC ACCCTTGAC TGTGAACCTTC  
**subtipe3.2** TGGTCGACTA CCCGTACCGG CTCTGGACT ACCCTTGAC AGTGAATTAC  
**subtipe3.3** TGGTCGACTA TCCATACCGG CTTTGGCATT ACCCATGTAC AGTCAATTTC  
**subtipe3.4** TGGTCGACTA YCCATACCGA CTTTGGCATT ACCCATGTAC AGTCAATTTC  
**subtipe3.5** TAGTAGACTA CCCGTATCGG CTGTGGCATT ATCCTTGAC CATGAACCTTC  
**CONSENSUS** **TGGTCGACTA** **CCCATACCGG** **CTCTGGCATT** **ACCCCTTGAC** **AGTGAATTTC**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
760 770 780 790 800

**subtipe3.1** ACCATTCACA AGGTCAAGAT GTACGTGGCT GGGGCAGAAC ACCGCTTCAA  
**subtipe3.2** ACCCTATTCA AGGTCAAGGAT GTTCGTGGCC GGAATTGAAC ACCGATTAC  
**subtipe3.3** ACACGTGTTCA AGGTGAGGAT GTTTGTGGGT GGGTTTGC ATCGGTTTAC  
**subtipe3.4** ACATTGTTCA AGGTGAGGAT GTTTGTGGC GGGTTTGARC ACCGGTTTAC  
**subtipe3.5** ACCATATTCA AAGTCAGAAC GTTTGTGGGA GGAGTGGAGC ACCGGTTTTC  
**CONSENSUS** ACCATGTTCA AGGTGAGGAT GTTTGTGGC GGGTTGAAC ACCGGTTTAC

Universitas  
**Esa Unggul**  
 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 810 820 830 840 850  
**subtipe3.1** CGCTGCTTGC AACTGGACCA GAGGGGAGCG CTGTGACATC GAGGATCGTG  
**subtipe3.2** GGCTGCCTGT AACTGGACTA GAGGAGAGCG CTGCGATATT GAGGACCGGG  
**subtipe3.3** CGCCGCTTGC AACTGGACTA GGGGGGAGCG CTGCGATATC GAGGATCGTG  
**subtipe3.4** CGCCGCTTGC AACTGGACCA GGGGGGAGCG WTGYGATATC GAGGATCGCG  
**subtipe3.5** AGCCGCTTGT AACTGGACGA GGGGGGAGCG CTGCGATCTA GAAGATCGTG  
**CONSENSUS** CGCCGCTTGC AACTGGACCA GGGGGGAGCG CTGCGATATC GAGGATCGTG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
860 870 880 890 900

**subtipe3.1** ACCGCAGTGA AATACATCCG CTGCTTCACT CCACAACCGA GTTGCCATA  
**subtipe3.2** ATCGTAGTGA GCAGCATCCG CTGCTTCACT CCACGACTGA ACTCGCTATA  
**subtipe3.3** ACCGCAGCGA GCAACATCCC CTGCTGCATT CAACAACGTGA GCTTGCCATA  
**subtipe3.4** ACCGCAGCGA GCAACATCCG CTGCTGCATT CAACAACGTGA GCTTGCTATA  
**subtipe3.5** ATCGCAGCGA GCAACATCCA CTACTCCACT CGACGACCGA ACTCGCCATA  
**CONSENSUS** ACCGCAGCGA GCAACATCCG CTGCTTCACT CAACAACGTGA GCTTGCCATA

Universitas  
**Esa Unggul**  
 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 910 920 930 940 950  
**subtipe3.1** CTGCCCTGCT CGTTTGACCC AATGCCAGCC CTAGCGACGG GCCTCATACA  
**subtipe3.2** TTGCCCTGCT CATTACACCC TATGCCCGCT CTATCAACGG GTCTCATACA  
**subtipe3.3** CTGCCCTGCT CTTTCACGCC CATGCCCGCA TTGTCAACAG GGTAAATACA  
**subtipe3.4** CTACCTTGCT CTTTCACGCC CATGCCKGCA TTGTCAACAG GTCTAAATACA  
**subtipe3.5** CTACCATGCT CATTACAGCC CATGCCGCT CTGTCAACAG GGCTCATACA  
**CONSENSUS** CTGCCCTGCT CATTACAGCC CATGCCGCT CTGTCAACAG GGCTCATACA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
960 970 980 990 1000

**subtipe3.1** CCTCCACCAAG AACATCGTGG ATGTGCAGTT CCTCTACGGT ATTGGATCCG  
**subtipe3.2** CCTCCACCAAG AAATACGTGG ACGTCCAATA CCTCTATGGT GTTGGGTCTG  
**subtipe3.3** CCTCCACCAA AACATCGTGG ATGTCCAATA CCTTTATGGC GTTGGATCTG  
**subtipe3.4** CCTCCACCAA AACATCGTGG ATGTCCAATA CCTTTATGGT GTTGGGTCTG  
**subtipe3.5** CCTCCACCAAG AACATTGTGG ACGTGCAATA CCTTTATGGT GTTGGGTCTG  
**CONSENSUS** CCTCCACCAAG AACATCGTGG ATGTCCAATA CCTTTATGGT GTTGGGTCTG

....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|  
 1010      1020      1030      1040      1050  
**subtipe3.1** GTATCGTAGG GTGGGCCGTG AAATGGGAGA TTGTCATCCT TGTATTCTTA  
**subtipe3.2** GCTTGGTGGG CTGGGCCTTA AAGTGGGAGT TCGTCGACT CATATCCCTC  
**subtipe3.3** GCATGGTGGG ATGGGCCTTG AAATGGGAAT TTGTCATCCT CGTTTCCCTC  
**subtipe3.4** GCATGGTGGG CTGGGCCTTG AAATGGGAGT TCGTCATCCT CGTCTTCCCTC  
**subtipe3.5** GCATAGTGGG CTGGGCCTCTC AAGTGGGAGT TCGTGTCCCT CGTGTCCCTC  
**CONSENSUS** GCATGGTGGG CTGGGCCTTG **AAATGGGAGT** TCGTCATCCT CGTATTCCCTC

....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|  
 1060      1070      1080      1090      1100  
**subtipe3.1** CTCTTGGCAG ACGCTCGAGT GTGTGTTGCT CTCTGGATGA TGCTACTAAT  
**subtipe3.2** CTCTTGGCAG ATGCTCGCGT GTGCGTCGCC CTTTGGATGA TGCTCCTAAT  
**subtipe3.3** CTCCTAGCAG ATGCACGCGT GTGCGTTGCC CTTTGGCTGA TGCTGATGAT  
**subtipe3.4** CTCCTAGCAG ACGCACGCGT GTGTGTTGCC CTTTGGCTGA TGCTGATGAT  
**subtipe3.5** CTTCTAGCGG ACGCACGCGT ATGCGTAGCC CTCTGGATGA TGCTACTAAT  
**CONSENSUS** CTCCTAGCAG ACGCACGCGT **GTGCGTTGCC** CTTTGGATGA **TGCTACTAAT**

....|....|....|....|.  
 1110  
**subtipe3.1** AGCACAAAGCG GAGGCG  
**subtipe3.2** ATCACAGGCA GAAGCG  
**subtipe3.3** ATCACAAAGCA GAAGCA  
**subtipe3.4** ATCACAAAGCA GAAGCG  
**subtipe3.5** CTCTCAGGCA GAGGCA  
**CONSENSUS** **ATCACAAAGCA** **GAAGCG**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

  
 Universitas **46**  
**Esa Unggul**

  
 Universitas  
**Esa Unggul**

## Lampiran 8. Hasil pencejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 6

<b>subtipe6.1</b> <b>subtipe6.2</b> <b>subtipe6.3</b> <b>subtipe6.4</b> <b>subtipe6.5</b> <b>subtipe6.6</b> <b>CONSENSUS</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  10 20 30 40 50 GAGACCTATA CCACAGGAGG AACTGTGCC CGAACATGCC TCGGGCTTGC TCCACGCATR TCACTGGAGC TGTYGCTGGG RGCACTGTYC GTGGGCTTAC GTCACACACA CTACCGGTT CGCTGTAGGT GACCAGGCGC GCGGGTTTCGC ---ACTACCA ACAGTCGGCCA CTCCATATCC CGGACACACGG GAAGTCTTGT ---TTCACCA CCACCGGCTA CGGGGTGAGC CGTACCACTG CCGGCTTCTG AATACTATA CCACGGGTTG ATCAGCAGCC AGGACCACTA GTGGAWTTGCG GACACCAACCA CCACCGGAGG CGCTGTAGGC CGCACACACGG GCGGGCTTGC
<b>subtipe6.1</b> <b>subtipe6.2</b> <b>subtipe6.3</b> <b>subtipe6.4</b> <b>subtipe6.5</b> <b>subtipe6.6</b> <b>CONSENSUS</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  60 70 80 90 100 CAGTTTCTC TCCTCTGGCC CCAAGCAGAA CCTCCAGCTT GTGAACACAA GGGCCTCTTT ACCCCTGGAG CTGCCAGCA GCTCCAGCTG GTGAACAGCA TAATATATTTC CAGTTTGGGC CTAGGCAGAA CATTCAGCTC ATGAATACCA AGGGCTATTT ACACCAGGAC CTCAGCAGCG CTTGCAGCTC ATTAACAGCA CTCGATGTT CCCCCGGTG CCAAACAGAA CTTACAACTC ATCAACACCA CTCATGTT ACCCCCAGGT CCAGCCAGAA TATCCAGCTT GTGAATTCCA <b>CGGTATGTT</b> <b>ACCCCTGGAC</b> <b>CTAAGCAGAA</b> <b>CCTCCAGCTC</b> <b>ATGAACACCA</b>
<b>subtipe6.1</b> <b>subtipe6.2</b> <b>subtipe6.3</b> <b>subtipe6.4</b> <b>subtipe6.5</b> <b>subtipe6.6</b> <b>CONSENSUS</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  110 120 130 140 150 ATGGGAGCTG GCATATCAAC AGGACAGCCC TCAATTGCAA TGACAGCTG ATGGGAGTTG GCACATCAAT AGGACAGCGC TGAACGTCAA TGACTCGTTG ACGGGAGCTG GCACATCAAT AGGACAGCCC TCAATTGCAA TGACAGCCTC ATGGCAGCTG GCACATCAAC AGGACCGCGC TGAACGTCAA CGACAGCCTC ATGGCAGCTG GCACATAAAC AGGACTGCTC TGAACGTCAA TGATTCCCTC ACGGCAGCTG GCATGTGAAC AGGACCGCCC TCAACTGCAA TGATAGCCTC <b>ATGGCAGCTG</b> <b>GCACATCAAC</b> <b>AGGACAGCCC</b> <b>TGAACGTCAA</b> <b>TGACAGCCTC</b>
<b>subtipe6.1</b> <b>subtipe6.2</b> <b>subtipe6.3</b> <b>subtipe6.4</b> <b>subtipe6.5</b> <b>subtipe6.6</b> <b>CONSENSUS</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  160 170 180 190 200 AACACCGGGT TTATTGCCG TCTGTTCTAT ---ACCAACA GGTCAACAG AACACCGGGT TTGTCGCTGC CCTGTTTAC TCCACACCA GGCACAAACCT AACACCGGGT TTATCGCAGC GCTGGTCTAC ---GCCATA AGTTAACATC AGCACCGGGT TCCCTGCCAA CCTGTTTAT ---GCCATA AGATCAACGA CAGACGGGGT TCATAGCGTC ACTCTTCTAC ---ATCCACA AAATCAACTC CACACCGGGT TTCTTGCGGG CCTGATTAT ---AAACACA AGTTCAACTC <b>AACACCGGGT</b> <b>TTATTGCCG</b> <b>CCTGTTTAT</b> ---ACCCACA <b>AGGGCAACTC</b>
<b>subtipe6.1</b> <b>subtipe6.2</b> <b>subtipe6.3</b> <b>subtipe6.4</b> <b>subtipe6.5</b> <b>subtipe6.6</b> <b>CONSENSUS</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  210 220 230 240 250 CTCAGGATGC CCCGAGCGCA TGAGCGCTTG TAAACCCATC ACCCACTTCG CACTGGATGC TCCGACCGCT TGAGCGCTTG CAGGCCACTC TCTTACTTCG CTCCGGGTGT GTTGAGCGGA TGAGCGCTTG CAGAAAGCTC GCAAGCTTT CTCAGGTTGC CCGGAGCGCA TGAGCTCGTG TAGGCCCTT ACCTCGTTG TTCGGGCTGC CCAGAGCGGA TGGCTCGTG TAAGCCTCTC GCCGACTTCC ATCGGGGTGT CCTGAACGCA TGTCKTCTG CAAGCCGATT ACCTCTTTG <b>CTCGGGATGC</b> <b>CCTGAGCGCA</b> <b>TGAGCGCTTG</b> <b>TAAGCCCCTC</b> <b>ACCTACTTCG</b>
<b>subtipe6.1</b> <b>subtipe6.2</b> <b>subtipe6.3</b> <b>subtipe6.4</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  260 270 280 290 300 ACCAAGGGTG GGGCCCTATC ACTTAT---G CCAACATAAG TGGGCCATCA ACCAAGGGTG GGGCCCTCTT TCGTAT---G CCAATATATC AGGGTCTTCC CTCAAGGGTC GGGCCCGATC ACGTAT---G TCAACGTATC AGGCCATCA ACAAGGCATG GGGCCCTATC ACCTAT---G CCACCATCAC AGGCCCTTCT

**subtipe6.5** GGCAGGGGTG GGGCCAGATA ACCTACAAAG TCAACATCTC GGGCCCCTCC  
**subtipe6.6** ACCAGGGTG GGGCCCTATT ACATAT---G CCAACATATC CGGTTCCCTCC  
**CONSENSUS** ACCAGGGGTG GGGCCCTATC ACCTAT---G CCAACATATC AGGCCCATCC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 310 320 330 340 350

**subtipe6.1** GAAGATAGAC CGTACTGCTG GCACTACCCT CCGAGACCTT GTGGGGTGGT  
**subtipe6.2** CCTGATAGGC CCTACTGTTG GCATTACGCC CCCAGGCCCT GCAAAGTTGT  
**subtipe6.3** GAGGATAAGC CCTATTGCTG GCATTACGCG CCCAAGCCTT GCTCAATCGT  
**subtipe6.4** CATGACAGGC CATATTGCTG GCACTACGCT CCAAGACCTT GTGGCGTTGA  
**subtipe6.5** GACGACCGTC CTACTGTTG GCATTATGCT CCCAGGCCAT GTGGAGTGGT  
**subtipe6.6** GAAGACAAGC CGTACTGCTG GCATTATCCG CCCAGACCCCT GTGACATAGT  
**CONSENSUS** GATGACAAGC CCTACTGCTG GCATTACGCT CCCAGGCCCT GTGGAGTGGT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 360 370 380 390 400

**subtipe6.1** GTCGGCCTCC ACAGTGTGCG GCCCTGTCTA TTGCTTCACA CCGAGCCCTG  
**subtipe6.2** TCAGGCCACAG TCCGTTTGTG GCCCCGTCTA CTGCTTCACC CCGAGCCCTG  
**subtipe6.3** GGAAGCCCGT CGCGTCTGCG GTCCGGTGTG CTGCTTCACG CCCAGCCCCG  
**subtipe6.4** GCGGGCCAAG GACATTGTTG GCCCTGTTTA TTGCTTTACA CCATCTCCTG  
**subtipe6.5** GCGGGCCCGC ACGGTGTGCG GCCCTGTTTA CTGCTTCACG CCCAGCCCTG  
**subtipe6.6** GCCAGCAGGA GAGGTTTGC GACCTGTGTA TTGCTTTACA CCTAGTCCTG  
**CONSENSUS** GCCGGCCCGC GCCGTTTGC GCCCTGTTA CTGCTTCACA CCGAGCCCTG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 410 420 430 440 450

**subtipe6.1** TGGTGGTAGG GACTACTGAC CGCAGGGAA GGCCAACCTA CAACTGGGGT  
**subtipe6.2** TGGTGGTGGG AACTACCGAC CGCAAGGGCC TACCCACCTA CAACTGGGGC  
**subtipe6.3** TGGTCGTGGG GACGACCGAC CGGAGAGGTC ACCCCACCTA CTCCTGGGGT  
**subtipe6.4** TAGTCGTGG CACTACGGAC AGGACAGGTC TCCCCACTTA CAACTGGGGT  
**subtipe6.5** TTGTGGTAGG CACCACTGAC AAGCGGGCA ACCCCACATA CACCTGGGG  
**subtipe6.6** TGGTCGTGG AACTACGGAT AGGAAGGGC TCCCCACATA CACTTGGGGT  
**CONSENSU** TGGTGGTGGG CACTACTGAC AGGAAGGGCC TCCCCACATA CACCTGGGGT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 460 470 480 490 500

**subtipe6.1** GACAATGAGA CTGATGTTT CTTATTGGAG AGCTTACGAC CACCCATCGG  
**subtipe6.2** GAGAACGAGR CAGACGTGTT CTTGTTGGAG AGCCAGAGAC CGCCRGCGGG  
**subtipe6.3** GAGAATGCCA CAGATGTGTT TCTACTGGAC ACCCTGCGCC CCCCCGGGG  
**subtipe6.4** GAGAATGAAA CCGACRTGWT CATTCTGACG AGTATGCGGC CCCCAGTGGG  
**subtipe6.5** GAGAATGAGA CGGATGTATT CATGCTGAA AGCCTTCGGC CCCCTACCGG  
**subtipe6.6** GAGAATGTGA GTGATGTGTT CCTGCTGCAG AGTGCCAGAC CTCCCTCACGG  
**CONSENSUS** GAGAATGAGA CTGATGTTT CTTGCTGGAG AGCTTACGCG CCCCCTCCCCG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 510 520 530 540 550

**subtipe6.1** CGGCTGGTAC GGGTGCACAT GGATGAACTC CACTGGGTT C GTCAAGACGT  
**subtipe6.2** CGGGTGGTAC GGCTGCACCT GGATGAACGC TACGGGGTT GTCAAGACAT  
**subtipe6.3** CGGTTGGTT GGATGCACGT GGATGAAYGG CACCGGGTT C GTCAAACAT  
**subtipe6.4** GGGATGGTT GGCTGTACCT GGATGAACTC TACGGGGTT C GTCAAGACAT  
**subtipe6.5** AGGATGGTT GGGTGTACGT GGATGAACTC TACGGGCTTT ACCAAGACCT  
**subtipe6.6** TGCCTGGTT GGATGTACCT GGATGAATT CACCGGCTAT GTCAAACAT  
**CONSENSUS** CGGATGGTT GGCTGCACGT GGATGAACTC CACGGGGTT GTCAAGACAT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
 560 570 580 590 600

**subtipe6.1** GTGGAGCACC CCCATGCAAC ATCAGACCCG CCGCCTCAA GGGGAAC-AA  
**subtipe6.2** GCGGGCGGCC ACCGTGTAAT ATCGGGCCA C----- AGGCAAC-AA  
**subtipe6.3** GTGGGGCACC TCCTTGCCTGC ATCACACCTC TGGA---AG TGACACCCAA  
**subtipe6.4** GCGGAGCACC CCCCTGTAAA TTAATGTCTG G----- TACCAACMAC  
**subtipe6.5** GCGGTGCTCC GCCATGTCAG ATAGTCCC GGAGA----- TTACAACAGC  
**subtipe6.6** GTGGGGCACC ACCGTGTAAC ATCGGCCCCG CTAC----- TGAGACC-AA  
**CONSENSUS** GTGGAGCACC ACCGTGTAAC ATCAGCCCCG CGGA----- TGACAAAC-AA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
610 620 630 640 650

**subtipe6.1** as Unas CACCTCTACA C---TGACCTG CCCCACTGAC TGTTTCCGCA AACATCCGGA  
**subtipe6.2** -ATCTCTA-- -----ACGTG CCCTACGGAC TGTTTCCGGA AGCATCCTGA  
**subtipe6.3** TGATTCCCTG -----ACATG CCCTACTGAC TGCTTCAGGA AACACCCAGA  
**subtipe6.4** TCCTTGGAC- -----TG CCCCACGGAC TGCTTCCGGA AGCATCCGGG  
**subtipe6.5** TCTGCCAACG AGCTTTGTG CCCCACCGAC TGCTTCGTA AACATCCGGA  
**subtipe6.6** CACTTCACTA -----AAATG TCCTACAGAT TGCTTCCGCA AACATCCGGA  
**CONSENSUS** TACTTCAACG -----ACGTG CCCCACGGAC TGCTTCCGGA AACATCCGGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
660 670 680 690 700

**subtipe6.1** as Unas AGCGACGTAC AGTAAGTGTG GTTCAGGGCC TTGGCTAACCCAGGTGCC  
**subtipe6.2** GGCAACGTAC AGCAAGTGTG GTTCTGGCC TTGGCTCACG CCGAGATGCT  
**subtipe6.3** GGCAACATTAC AGCAAATGTG GTTCTGGCC TTGGCTTAGC CCAAGGTGCT  
**subtipe6.4** AGCCACATAC GCCAAGTGC GTTCTGGTCC GTGGCTTAGC CCTAAGTGTG  
**subtipe6.5** AGCTACATAC CAGCGGTGTG GATCGGGACC CTGGTTAACCA CCCAGGTGTC  
**subtipe6.6** TGCAACGTAC TCAAGGTGCG GGTGGGGCC TTGGCTCACT CCCCGGTGTT  
**CONSENSUS** AGCAACGTAC AGCAAGTGTG GTTCTGGCC TTGGCTAACG CCCAGGTGTC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
710 720 730 740 750

**subtipe6.1** as Unas TTGTCACCA CCCCTATAGG TTGTGGCACT ACCCCTGCAC TGTCAACTT  
**subtipe6.2** TGGTTCACTA CCCTTACAGG CTGTGGCATT ACCCTTGAC TGTAAAYTTC  
**subtipe6.3** TGGTTGACTA TCCCTACAGG TTGTGGCACT ACCCATGCAC TGTGAACCTAC  
**subtipe6.4** TGGTTGATTA CCCCTATAGG CTGTGGCACT ACCCATGCAC TCTGAACCTC  
**subtipe6.5** TGGTGGATTA CCCTTACAGG CTGTGGCACT ACCCCTGCAC TGTCAACTTC  
**subtipe6.6** TGGTAGACTA CCCATACCGG CTGTGGCATT ACCCGTGCAC TATCAACTTC  
**CONSENSUS** TGGTTGACTA CCCCTACAGG CTGTGGCACT ACCCCTGCAC TGTGAACCTC

Universitas

**Esa Unggul**

Universitas

**Esa Unggul**

Universitas

**Esa Unggul**

**subtipe6.1** as Unas .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
760 770 780 790 800  
**subtipe6.2** ACCATCCATA AGGTCCGGTT GTATGTGGC GGGATCGAGC ATCGGTTTGA  
**subtipe6.3** ACCATCCACA AGGTCCGCAT GTACGTAGGG GGGGTGGAKC ACAGGTTCCA  
**subtipe6.4** ACCGTACACA AGGTGCGTAT GTTCGTGGGA GGAGTAGAGC ACAGGTTCCA  
**subtipe6.5** ACCGTGCACA AGATCCGCAT GTATGTGGC GGGGTGAAC ACAGACTCAC  
**subtipe6.6** ACCGTGCATA AAGTCAGGAT GTTCGTGGGA GGCATTGAGC ATCGGTTTGA  
**CONSENSUS** ACCACCCACA AAGTTCGGAT GTTTTGGGG GGTGTCGAAC ACAGGTTCGA  
**ACCGTCCACA** AGGTCCGGAT GTACGTGGGA GGGGTGAGC ACAGGTTCGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
810 820 830 840 850

**subtipe6.1** as Unas TGCCCGTGC AATTGGACTC GTGGAGAGCG CTGCGAGCTG GAAGATCGTG  
**subtipe6.2** GGCTCGTGC AACTGGACGC GAGGAGAGCG MTGTGAGCTC GAAGACCGGG  
**subtipe6.3** GGCTGCATGC AACTGGACAC GGGGGGAGCC ATGCGAGCTG GAAGACCGGG  
**subtipe6.4** TGCTGCTTGC AATTGGACCC GCAGGGACCC CTGCACTGCTT GGGGACCGGG  
**subtipe6.5** CGCTGCATGC AATTGGACCA GGGGCGAGCG GTGCGAGCTA CATGACAGAG  
**subtipe6.6** CGCTGCTTGC AACTGGACCC GTGGAGAACG GTGCGATTG GAAGACAGGG

Universitas

**Esa Unggul**

Universitas

**Esa Unggul**

Universitas

**Esa Unggul**

CONSENSUS      TGCTGCATGC AACTGGACCC GGGGAGAGCG CTGCGAGCTG GAAGACCAGGG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
860            870            880            890            900

**subtipe6.1** ACAGGGTTGA AATGAGTCCT CTGTTGTTT CAACAACGTGA GCTCTCGATC

**subtipe6.2** ACAGGGTCGA GATGAGTCCC CTCCTGTTT CGACGACCGA GCTCTCAATC

**subtipe6.3** ACAGGGTCGA AATGAGTCCC CTCTCTGTTCT CGACAACAGA GCTCGCAATC

**subtipe6.4** ACAGGGCTGA GCTCAGCCCCG CTGCTGTTCT CGACAACCGA GCTTGCGATA

**subtipe6.5** ACAGGGATTGA AATGAGCCCCG CTGCTCTTCT CAACTACGCA GCTTGCCATA

**subtipe6.6** ATAGGGTGGGA GATGAGCCCCA CTTCTGTTCT CCACGACAGA GTTGGCCATC

**CONSENSUS tas** ACAGGGTTGA AATGAGTCCT CTGCTGTTCT CGACAACAGA GCTCGCAATC **tas**

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
910            920            930            940            950

**subtipe6.1** CTCCCCCTGTT CATTACACGAC CATGCCGGCG TTGTCACGT GGCTGATCCA

**subtipe6.2** CTTCCTRGCT CGTTCACAAC GATGCCAGCC CTSTCYACRG GGCTGATCCA

**subtipe6.3** CTGCCCTGCT CCTTTACACAC CATGCCGGCT CTATCTACTG GGCTAATCCA

**subtipe6.4** TTGCCCTTGCA CCTTCACACACC CATGCCAGCC CTCTCCACTG GCCTCATCCA

**subtipe6.5** CTTCCCTGTT CATTTCACACCAT CATGCCGGCC TTATCAACTG GCCTCATCCA

**subtipe6.6** CTACCCCTGCT CTTTCACACGAC CATGCCAGCA CTGTCACCCG GCCTTATCCA

**CONSENSUS** CTTCCCTGCT CCTTCACACGAC CATGCCAGCC CTGTCACGT GGCTCATCCA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
960            970            980            990            1000

**subtipe6.1** TCTACACCAAG AACGTGGTAG ATGTCCAATA CCTATATGGAA ATATCCCCGGT

**subtipe6.2** CCTCCATCATCG AACATCGTGG ACGTCCAATA CCTTTACGGT ATAGGCCCGG

**subtipe6.3** TCTCCACCAAG AACATCGTGG ATGTCCAGTA CCTCTATGGC GTGTCCCCCA

**subtipe6.4** CTTGCATCATCG AACATCGTGG ACGTACAGTA TCTCTATGGT CTGACCCCTT

**subtipe6.5** CCTGCATCATCG AACATAGTGG ACGTGAATA CCTCTATGGA GTCTCATCGA

**subtipe6.6** TCTCCACCAAG AATGTCGTGG ACATACAGTA CCTCTACGGT GTGTCCACGG

**CONSENSUS** TCTCCACCAAG AACATCGTGG ACGTCCAATA CCTCTATGGT GTGTCCCCGG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
1010            1020            1030            1040            1050

**subtipe6.1** CAGTCACACTC GTGGGTCATC AGGTGGGAGT ATGTAGTCCT CGCTTTCTTG

**subtipe6.2** CCATCACATC ATTGGTCRTA AGGTGGGAGT ATGTGGTCCT TGCTTTCTG

**subtipe6.3** TGATTTCATC TTGGGCTATT AAATGGGAGT ATGTGGTTCT GGCAATTCTG

**subtipe6.4** CCGTCGTGTC GTGGTCGATC AAGTGGGAAT ACCTTGTCT CGCGTTCTG

**subtipe6.5** CGCTCACATC GTGGGTAGTG AAGTGGGAAT ATATAGTCCT GATGTTCTG

**subtipe6.6** TACTTGTATC GTGGGCTATC AAGTGGGAGT ACGTAGTCCT AGCTTTCTG

**CONSENSUS** CCGTCACATC GTGGGTAATC AAGTGGGAGT ATGTAGTCCT CGCTTTCTG

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
1060            1070            1080            1090            1100

**subtipe6.1** TTCCTGGCAG ACGCCGCGCAT TTGCGCGTGT TTATGGCTTA TGTTACTCAT

**subtipe6.2** CTGCTGGCGG ATGCCGCGCAT TTGCTCGTGC TTGCGGCTCA TGATGCTCAT

**subtipe6.3** CTGCTGGCGG ATGCCGCGCAT ATGCCGCGTGC CTTGCGCTCA TGATGCTAGT

**subtipe6.4** GTGTTAGCGG ATGCCGCGCAT TTGTCCTGT CTGCGGTTGA TGCTGATGAT

**subtipe6.5** GTTTTGGCAG ATGCTCGGAT TTGTCCTGT CTGCGGTTGA TGCTGCTCAT

**subtipe6.6** GTGTTGGCCG ACGCCGCGCAT TTGTCCTGT CTGCGGTTGA TGTTCTGGT

**CONSENSUS** GTGTTGGCGG ATGCCGCGCAT TTGTCCTGT CTGCGGTTGA TGTTGCTCAT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|  
1110

**subtipe6.1** AGGCCAAGCT GAGGCA

**subtipe6.2** AGCCCAAGCG GAGGCG

**subtipe6.3** AGGTCAAGTG GAGGCA

**subtipe6.4** AGCCCAGGTG GAGGCG

**subtipe6.5** AAGTAGCGTT GAAAGCA

**subtipe6.6** GGGCCAAGCG GAGGCT

**CONSENSUS** AGGCCAAGCG GAGGCA

**Lampiran 9.** Hasil pensejajaran dan sekuen konsensus gen E1 HCV Genotipe 1,2,3,6

<b>Subtipe 1</b> <b>Subtipe 2</b> <b>Subtipe 3</b> <b>Subtipe 6</b> <b>Consensus</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  310            320            330            340            350	ACCTTCTCGC CTCGCCGCA TGAGACAGTA CAGGACTGCA ACTGCTCAAT ATCATCTCGC CAGAACACCA CAAGTCGTG CAGGAGTGCA ATTGCTCCAT ACCTTCAGGC CTCGTGCCA CAAAACGGTC CAGACCTGCA ACTGCTCGCT ACCTTCAAGC CCCGCATGCA TCGGACAGTC CAAGACTGCA ATTGCTCCAT AYCWTWVGC CHSRHMDSCA YVRRWYVGTV CARRMSTGCA AYTGCTCVMT <u>ACCTTCTCGC CTCGCCGCA CAAGACAGTC CAGGACTGCA ACTGCTCCAT</u>
--	---	--

<b>Subtipe 1</b> <b>Subtipe 2</b> <b>Subtipe 3</b> <b>Subtipe 6</b> <b>Consensus</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  360            370            380            390            400	CTATCCCAGGC CATGTATCAG GTCACCGCAT GGCCTGGGAT ATGATGATGA CTACCCCTGGT CACATCACTG GCCACCGTAT GGCATGGGAC ATGATGATGA GTACCCAGGC CATATTTCAG GACATCGAAT GGCTTGGGAT ATGATGATGA <u>CTACACTGGC CGCATCACTG GCCATCGCAT GGCCTGGGAT ATGATGATGA</u> STAYMCHGGY CRYRTHWCWG GHCAUCGHAT GGCNTGGGAY ATGATGATGA <u>CTACCCCTGGC CACATCACTG GCCATCGCAT GGCCTGGGAT ATGATGATGA</u>
--	---	---

<b>Subtipe 1</b> <b>Subtipe 2</b> <b>Subtipe 3</b> <b>Subtipe 6</b> <b>Consensus</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  410            420            430            440            450	ACTGGTCACC TACAACAGCC CTAGTGGTAT CGCAGCTACT CCGGATCCCC ACTGGTCACC AACTGCTACC ATGATCCTGG CCTACCGGCAC TCGTGTTC ACTGGTCCCC TGCTGTCGGG ATGGTGGTGG CGCACTTGCT GCGGCTGCC ACTGGTCTCC GACTGCCACT CTGGTCGTGT CCTACCGCTCT GAGGGTGCCC ACTGGTCHCC DRCWRHYRSB MTRRTSSTRK CSYASBYDMY BMGKVTBCCM <u>ACTGGTCATT TACTGCCGCC ATGGTCGTGT CCTACGTGCT GCGGGTGCC</u>
--	---	---

<b>Subtipe 1</b> <b>Subtipe 2</b> <b>Subtipe 3</b> <b>Subtipe 6</b> <b>Consensus</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  460            470            480            490            500	CAAGCTGTG TGACATGGT GGCAGGAGCC CACTGGGGAG TCCTAGCGGG GAGGTCGTCC TAGACATCAT CATCGGGGCT CATTGGGGTG TGATGTT CAGACCATGT TTGACATAAT AGCCGGGGCC CATTGGGGCG TCATGGCAGG <u>CAGCTGATCA TCGACATCTT TGTGGTGGT CATTGGGGTG TGGTCGCC</u> SARVYBRTSN TNGACATVDT NRYSGGDGSY CAYTGGGGHG TSVTVKYVGG <u>CAGGCCATCT TAGACATCAT GGCAGGGGCC CATTGGGGTG TCATGGCCCC</u>
--	---	--

<b>Subtipe 1</b> <b>Subtipe 2</b> <b>Subtipe 3</b> <b>Subtipe 6</b> <b>Consensus</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  510            520            530            540            550	CCTGCCTAC TATTCCATGG TGGGAACTG GGCTAAGTT TTGATTGTGA CTTGGCCTAC TTCTCTATGC AGGGAGCGTG GGCAGAGTC GTTGT CCTAGCCTAC TACTCCATGC AGGGCAACTG GGCAAGGTG GCCATCATCA <u>CCTGCTGTAT TATAGCATGG TTGCCAATTG GGCAAAGTC ATCGGCATT</u> CYTDSYSTAY TWYWSYATGS WKGSVRMBTG GGCBAARGTY DYBRKYRTBM <u>CCTGGCCTAC TATTCCATGC AGGGCAACTG GGCAAAGTC GTCATCATCC</u>
--	---	---

<b>Subtipe 1</b> <b>Subtipe 2</b> <b>Subtipe 3</b> <b>Subtipe 6</b> <b>Consensus</b>	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....  560            570	<u>TGCTACTCTT TGCCGGCGTT GATGGG</u> <u>TCCTGCTGGC CGCAGGGGTG GACGCA</u> <u>TGGTCATGTT CTCGGGGGTG GATGCC</u> <u>TGTCCTGTT TGCAGGTGTG GACGCG</u> TSBTVMTSKY YKCVGBGDK GAYGSV <u>TGCTCCTGTT TGCAGGGGTG GACGCG</u>
--	--	---

**Lampiran 10.** Hasil pensejajaran dan sekuen konsensus gen E2 HCV Genotipe 1,2,3,6

<b>Subtipe1</b> [	GCCACCTACA CGACAGGGGG GGAGGCTGGC CGCACCAACCA ACAGACTCGC
<b>subtipe2</b> [	CGTACCAAGA TTATCGGGGG ACAAGCGGGGG CGCACCGCCT GCGGCATTAC
<b>subtipe3</b> [	CACACGTACG TCACTGGTGG CGCTGCGGCT CGTACGGCCC ACGGCCTTAC
<b>subtipe6</b> [	GACACCACCA CCACCGGAGG CGCTGTAGGC CGCACCAACGG GCGGGCTTGC
<b>CONSENSUS</b>	<b>GACACCCTACA TCACCGGGGG CGATGCGGGC CGCACCAACCA GCGGCCTTAC</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	10 20 30 40 50
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	GTGCCCTTTT ACACCAGGGGG CGAACAGAAA GATCCAGCTT GTGAACACCA
<b>subtipe2</b> [	TAGCTCTTC ACGCTCGGTG CCAAGCAGAAA CATCCAGCTA ATCAACACCA
<b>subtipe3</b> [	GGGCCTCTTC ACCCGGGGGCC CGAAACAGAAA CCTGCAGCTG ATCAACACCA
<b>subtipe6</b> [	CGGTATGTTC ACCCCTGGAC CTAAGCAGAAA CCTCCAGCTC ATGAACACCA
<b>CONSENSUS</b>	<b>GGGCCTCTTC ACCCCTGGGC CGAACAGAAA CATCCAGCTA ATCAACACCA</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	60 70 80 90 100
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	ACGGCAGCTG GCACATCAAC AGGACTGCC TGAACTGCAA TGACTCCCTC
<b>subtipe2</b> [	ATGGCAGCTG GCACATCAAC CGCACTGCC TGAACTGCAA TGACAGCTG
<b>subtipe3</b> [	ACGGGTCGTG GCACATCAAC AGCACTGCC TGAACTGCAA TGATTCCATA
<b>subtipe6</b> [	ATGGCAGCTG GCACATCAAC AGGACAGCCC TGAACTGCAA TGACAGCCTC
<b>CONSENSUS</b>	<b>ATGGCAGCTG GCACATCAAC AGCACTGCC TGAACTGCAA TGACTGCC</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	110 120 130 140 150
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	CACACTGGGT TCCTTGCCGC GCTGTTCTAC ACACACAAGT TCAACTCGTC
<b>subtipe2</b> [	AAGACCGGGCT TCTCTCGCGTC CCTGTTTAC ACCAATAGCT TCAACTCCCTC
<b>subtipe3</b> [	AACACCGGGT TCATAGCTGG GCTATTCTAC TATCACAGGT TCAACTCCAC
<b>subtipe6</b> [	AACACCGGGT TTATTGCCGC CCTGTTTAT ACCCACAAGG GCAACTCCCTC
<b>CONSENSUS</b>	<b>AACACCGGGT TCATTGCCGC CCTGTTTAC ACCCACAGGT TCAACTCCCTC</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	160 170 180 190 200
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	CGGATGCCCA GAGCGCATGG CCAGCTGCCG CCCATTGAC GAGTTC-GAT
<b>subtipe2</b> [	GGGATGTCCTT GAGCGCCTGG CCTTCTGCCG CGAGATTGAC GCCTTCCGGAA
<b>subtipe3</b> [	GGGATGTCCT GCAAGGCTCT CCAGCTGCAA GCCCATCACT TCCTTC-AAG
<b>subtipe6</b> [	GGGATGCCCT GAGCGCATGA GCGCTTGAA GCCCCTCAC TACTTC-GAC
<b>CONSENSUS</b>	<b>GGGATGTCCT GAGCGCATGG CCACCTGCCA GCCCATTAAC TCCTTC-GAT</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	210 220 230 240 250
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	CAGGGCTGGG GTCCCATCAC TT--ACGCTG AGTCTAACAG CCC---GGAC
<b>subtipe2</b> [	TTGGGTGGGG AACCTTGCAA TACGAGGATA ATGTCACCAA TCCTGAGGAT
<b>subtipe3</b> [	CAGGGTGGG GCCCTTGAC AG--ATGCCA ACATCACCGG CTCCCTTGAG
<b>subtipe6</b> [	CAGGGTGGG GCCCTATCAC CT--ATGCCA ACATATCAGG CCCATCCGAT
<b>CONSENSUS</b>	<b>CAGGGTGGG GCCCTTTCAC TT--ATGCCA ACATCACCGG CCCTTCGGAT</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	260 270 280 290 300
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	CAGAGGCCTT ATTGCTGGCA CTACGCCCT CAACCGTGTG GCATTGTGCC
<b>subtipe2</b> [	ATGAGACCAT ACTGCTGGCA TTACCCACCA AAACCTTGTG GTATCGTCCC
<b>subtipe3</b> [	GACAGACCAT ACTGCTGGCA CTACCCACCC AGGCCTTGCAG AGATAGTCCC
<b>subtipe6</b> [	GACAAGCCCT ACTGCTGGCA TTACGCTCCC AGGCCTTGTG GAGTGGTGC
<b>CONSENSUS</b>	<b>GACAGACCAT ACTGCTGGCA TTACGCAACCC AGGCCTTGTG GTATTGTCCC</b>
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
	310 320 330 340 350
..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	
<b>Subtipe1</b> [	CGCGCGGAAG GTGTGTGGCC CAGTGTACTG CTTCACCCCC AGCCCCGTG
<b>subtipe2</b> [	GGCTAGGTCT GTGTGCGGCC CGGTGTACTG TTTCACCCCC AGCCCAGTGG

<b>subtipe3</b>	AGCAGCGACT GTCTGCGGCC CCGTCTACTG CTTCACACCA TCGCCAGTGG
<b>subtipe6</b>	GGCCCGCGCC GTTTGCAGCC CTGTTTACTG CTTCACACCG AGCCCTGTGG
<b>CONSENSUS</b>	GGCCCCGACT GTGTGCAGCC CAGTGTACTG CTTCACACCA AGCCCAGTGG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	410 420 430 440 450
<b>Subtipe1</b>	TGGTGGGCAC GACCGATCGT TCCGGCGTCC CTACATATAG CTGGGGGGAG
<b>subtipe2</b>	TCGTGGGCAC GACCGACAGA CGTGGAGTGC CCACCTACAC CTGGGGGGAG
<b>subtipe3</b>	TGGTAGGCAC TACCGATGCT AGGGGCGCAG CAACCTACAA CTTTGGCGAG
<b>subtipe6</b>	TGGTGGGCAC TACTGACAGG AAGGGCCTCC CCACATACAC CTGGGGTGAG
<b>CONSENSUS</b>	TGGTGGGCAC TACCGATAGT AGGGGCGTCC CCACATACAC CTGGGGGGAG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	460 470 480 490 500
<b>Subtipe1</b>	AATGAGACGG ACGTGCTGCT CCTTAACAAC ACGGGGCCGC CGCAGGGCAA
<b>subtipe2</b>	AATGAGACGG ATGTCTTCCT GCTGAACAGC ACCCGACCAC CGCAAGGAGC
<b>subtipe3</b>	AATGAAACAG ACGTGTTCT GCTGAAGTCC CTGGGGCCTC CCAGTGGTCG
<b>subtipe6</b>	AATGAGACTG ATGTGTTCTT GCTGGAGAGC CTGGGGCCCC CTCCCGGGGG
<b>CONSENSUS</b>	AATGAGACGG ATGTGTTCT GCTGAACAGC CTGGGGCCGC CGCAAGGCGG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	510 520 530 540 550
<b>Subtipe1</b>	CTGGTCGGG TGTACATGGG TGAATACCAC CGGATTCAACC AAGACGTGCG
<b>subtipe2</b>	CTGGTCGGC TGCACTTGGG TGAATGGGAC TGGATTCAACC AAGACATGGG
<b>subtipe3</b>	GTGGTTTGGG TGTGCGTGGG TGAACCTCCAC GGGGTTTGTC AAGACGTGCG
<b>subtipe6</b>	ATGGTTTGGC TGCACGTGGG TGAACCTCCAC GGGGTTTGTC AAGACATGTG
<b>CONSENSUS</b>	CTGGTCGGC TGTACGTGGG TGAACCTCCAC GGGATTGTC AAGACATGCG
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	560 570 580 590 600
<b>Subtipe1</b>	GGGGCCCCCCC GTGTAACATC -----G GGGGGG---- TCGGCAACAA
<b>subtipe2</b>	GCGCACCAACC TTGCCGCATT -----A GGACTGA-TT TCAACGCCAG
<b>subtipe3</b>	GGGGCCCCCCC TTGCAACATC TATGGGGGTG GGGGGGAGTT CCGGAAATGA
<b>subtipe6</b>	GAGCACCAACC GTGTAACATC -----AGCC CCCGGGA--- -TGACAACAA
<b>CONSENSUS</b>	GGGCACCAACC TTGCAACATC -----G GGGCGGA--- TCGACAACAA
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	610 620 630 640 650
<b>Subtipe1</b>	CAC---CTTG ACCTGCCCA CGGATTGCTT CCGGAAGCAC CCCGAGGCCA
<b>subtipe2</b>	CACGGACCTG CTGTGCCCA CAGACTGTTT TAGGAAGCAC CCTGACGCCA
<b>subtipe3</b>	GACCTACCTT ATCTGCCCA CCGACTGCTT CAGGAAACAT CCCGATGCCA
<b>subtipe6</b>	TACTTCAACG ACGTGCCCA CGGACTGCTT CCGGAAACAT CCCGAAAGCAA
<b>CONSENSUS</b>	CACCTACCTG ATGTGCCCA CGGACTGCTT CAGGAAACAT CCCGATGCCA
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	660 670 680 690 700
<b>Subtipe1</b>	CTTACACCAA ATGCGGCTCG GGGCCTGGT TGACACCTAG GTGTTGGTT
<b>subtipe2</b>	CTTACCTCAA GTGTGGGGCC GGGCCTGGT TGACGCCAG GTGCTGGTC
<b>subtipe3</b>	CATACAGCCG GTGCGGATCT GGGCCTGGC TGACGCCCTG GTGCTGGTC
<b>subtipe6</b>	CGTACAGCAA GTGTGGTTCT GGGCCTGGC TAACGCCAG GTGCTGGTT
<b>CONSENSUS</b>	CTTACAGCAA GTGTGGTTCT GGGCCTGGC TGACGCCCTAG GTGCTGGTT
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	710 720 730 740 750
<b>Subtipe1</b>	GAATACCCAT ACAGGCTTTG GCACTACCCC TGCACGTCA ATTTCACCT
<b>subtipe2</b>	GATTACCCCT ATAGATTGTG GCACTACCCC TGCACAGTCA ACTTTACCAT
<b>subtipe3</b>	GAATACCCAT ACCGGCTCTG GCATTACCCCT TGCACAGTGA ATTTCACCAT
<b>subtipe6</b>	GAATACCCCT ACAGGCTGTG GCACTACCCC TGCACGTGA ACTTCACCGT
<b>CONSENSUS</b>	GAATACCCAT ACAGGCTGTG GCACTACCCC TGCACAGTCA ATTTCACCAT

	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	760            770            780            790            800
<b>Subtipe1</b> [	CTTCAAGGTC AGGATGTATC TGGGGGGCGT CGAGCACAGG CTCAACGCCG
<b>subtipe2</b> [	CTTCAAGATA AGGATGTACG TAGGGGGGGT GGAGCACAGG CTCACCGCTG
<b>subtipe3</b> [	GTTCAAGGTG AGGATGTTG TGGGCGGGTT TGAACACCGG TTTACCGCCG
<b>subtipe6</b> [	CCACAAGGTC CGGATGTACG TGGGAGGGGT TGAGCACAGG TTGATGCTG
<b>CONSENSUS</b>	<b>CTTCAAGGTC AGGATGTACG TGGGGGGGGT AGAGCACAGG CTCAACGCTG</b>

	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	810            820            830            840            850
<b>Subtipe1</b> [	CATGCAACTG GACTCGGGGA GAGCGTTGTG ACTTGGAGGA CAGGGATAGG
<b>subtipe2</b> [	CGTGCAACTT CACTCGCGG GATCGCTGCA ACTTGGAAAGA TAGGGACAGA
<b>subtipe3</b> [	CTTGCAACTG GACCAGGGGG GAGCGCTGCG ATATCGAGGA TCCTGACCCG
<b>subtipe6</b> [	CATGCAACTG GACCCGGGGGA GAGCGCTGCG AGCTGGAAAGA CCGGGACAGG
<b>CONSENSUS</b>	<b>CATGCAACTG GACTCGGGGA GAGCGCTGCG ACTTGGAAAGA CAGGGACAGG</b>

	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	860            870            880            890            900
<b>Subtipe1</b> [	TCCGAGCTTA GCCCGCTGCT GCTGTCCACC ACAGAGTGGC AGATACTGCC
<b>subtipe2</b> [	GGTCAGCTGA GCCCGTTGCT GCACCTCCACC ACGGAATGGG CCATTTGCC
<b>subtipe3</b> [	AGCGAGCAAC ATCCGCTGCT TCACTCAACA ACTGAGCTTG CCATAACTGCC
<b>subtipe6</b> [	GTTGAAATGTA GTCCCCCTGCT GTTCTCGACA ACAGAGCTCG CAATCCTTCC
<b>CONSENSUS</b>	<b>GGTGAGCTGA GTCCGCTGCT GCACCTCCACA ACAGAGCTGG CCATAACTGCC</b>

	Universitas Esa Unggul	Universitas Esa Unggul	Universitas Esa Unggul
	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
	910            920            930            940            950		
<b>Subtipe1</b> [	CTGTTCTTC ACCACCCTAC CGGCTTTGTC CACCGTCTG ATCCACCTCC		
<b>subtipe2</b> [	ATGCTCTAC TCAGACCTGC CGGCTTTATC CACTGGTCTA TTGCACCTCC		
<b>subtipe3</b> [	CTGCTCATTT AGCCCATGC CTGCTCTGTC AACAGGGCTC ATACACCTCC		
<b>subtipe6</b> [	CTGTTCTTC ACGACCATGC CAGCCCTGTC CACTGGCCTC ATCCATCTCC		
<b>CONSENSUS</b>	<b>CTGTTCTTC ACGACCATGC CGGCTTTGTC CACTGGTCTC ATCCACCTCC</b>		

	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	960            970            980            990            1000
<b>Subtipe1</b> [	ACCAGAACAT CGTGGACGTG CAATACCTGT ACGGTGTGGG GTCAAGGGTT
<b>subtipe2</b> [	ACCAAAACAT CGTGGACGTG CAATACATGT ATGGCCTTTC ACCAGCTATC
<b>subtipe3</b> [	ACCAGAACAT CGTGGATGTG CAATACCTTT ATGGTGTGG GTCTGGCATG
<b>subtipe6</b> [	ACCAGAACAT CGTGGACGTG CAATACCTCT ATGGTGTGTC CCCGGCCGTC
<b>CONSENSUS</b>	<b>ACCAGAACAT CGTGGACGTG CAATACCTGT ATGGTGTGTC GCCAGCCATC</b>

	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	1010            1020            1030            1040            1050
<b>Subtipe1</b> [	GTCTCCTGTG CCATCAAGTG GGAGTACGTC GTGCTCTCT TCCTCCTGCT
<b>subtipe2</b> [	ACAAGATACA TCGTCAAGTG GGAGTGGGTG GTTCTCTTT TCCTGCTCT
<b>subtipe3</b> [	GTGGGCTGGG CGTTGAAATG GGAGTTCGTC ATCCCTGTAT TCCTCCTCT
<b>subtipe6</b> [	ACATCGTGGG TAATCAAGTG GGAGTATGTA GTCTCGCTT TCCTGGTGT
<b>CONSENSUS</b>	<b>ACATGCTGGG CCATCAAGTG GGAGTACGTC GTCTCCTTT TCCTGCTCT</b>

	.... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....
	1060            1070            1080            1090            1100
<b>Subtipe1</b> [	GGCGGACGCG CGCATCTGTG CCTGCTTGTG GATGATGCTA CTGATAGCCC
<b>subtipe2</b> [	GGCAGACGCC AGGGTCTGCG CCTGCTGTG GATGCTCATC TTGCTGGGCC
<b>subtipe3</b> [	AGCAGACGCA CGCGTGTGCG TTGCCCTTG GATGATGCTA CTAATATCAC
<b>subtipe6</b> [	GGCGGATGCG CGCATTTGTG CGTGCCTGTG GTTGTGTG CTCATAGGCC
<b>CONSENSUS</b>	<b>GGCAGACGCG CGCATCTGCG CCTGCTTGTG GATGATGCTA CTGATAGGCC</b>

	.... .....  ..
	1110
<b>Subtipe1</b> [	AGGCTGAGGC C
<b>subtipe2</b> [	AAGCCGAGGC A
<b>subtipe3</b> [	AAGCAGAAC G
<b>subtipe6</b> [	AAGCGGAGGC A
<b>CONSENSUS</b>	<b>AAGCCGAGGC A</b>

## Lampiran 11. Proses perbandingan sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 2,3,6

### a. Perbandingan antara sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 2

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected 100

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Hepatitis C virus genotype 2a gene for polyprotein, partial cds	410	410	98%	2e-115	76%	D13406_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate G2aK1, complete genome	316	316	93%	4e-87	73%	AF169003_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate MD2a-1, complete genome	316	316	93%	4e-87	73%	AF238481_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate ZS623 polyprotein gene, complete cds	313/ 313	85%	5e-86	74%	KC844043_1	
Hepatitis C virus subtype 2a genomic RNA, complete genome, strain: JFH2-1	313	343	85%	5e-86	74%	AB690460_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate MD2a-7, complete genome	313	339	88%	5e-86	74%	AF238485_1
Hepatitis C virus subtype 2a strain HC-J8CH clone pJ8CF, complete genome	313	313	85%	5e-86	74%	AF177036_1
Hepatitis C virus subtype 2a genomic RNA, complete genome, strain: JCF/JFH2-1	311	341	85%	2e-85	74%	AB890461_1
Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-5, complete genome	309	309	85%	6e-85	74%	AF238484_1
Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-4, complete genome	309	309	85%	6e-85	74%	AF238483_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate 11jessGP064 polyprotein gene, partial cds	304	304	85%	2e-83	74%	JQ303410_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate 11jessGP073 polyprotein gene, partial cds	304	304	85%	2e-83	74%	JQ303403_1
Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-2, complete genome	298	298	85%	1e-81	74%	AF238482_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate PR63, complete genome	291	291	85%	2e-79	73%	KF676381_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate G2aK3, complete genome	291	318	88%	2e-79	73%	AF169004_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV315 polyprotein gene, complete cds	289	289	93%	5e-79	72%	HQ639945_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV82 polyprotein gene, complete cds	289	289	85%	5e-79	73%	HQ639944_1
Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV51 polyprotein gene, complete cds	289	289	93%	5e-79	72%	HQ639939_1
Hepatitis C virus (isolate JFH-1) genomic RNA, complete genome	289	289	93%	5e-79	72%	AB047639_1

### b. Perbandingan antara sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 3

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected 100

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Hepatitis C virus subtype 3a isolate patient 299 polyprotein gene, partial cds	432	460	98%	1e-121	77%	GQ356200_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Seq1.3-SGA polyprotein gene, partial cds	428	428	98%	2e-120	77%	KX084552_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Plasma 8-SGA polyprotein gene, partial cds	428	428	98%	2e-120	77%	KX084548_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Plasma 7-SGA polyprotein gene, partial cds	428	428	98%	2e-120	77%	KX084547_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Plasma 4-SGA polyprotein gene, partial cds	428	428	98%	2e-120	77%	KX084544_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Plasma 3-SGA polyprotein gene, partial cds	428	428	98%	2e-120	77%	KX084543_1
Hepatitis C virus subtype 3a isolate patient 331 polyprotein gene, partial cds	425	425	96%	2e-119	77%	GQ356214_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Seq7-Con polyprotein gene, partial cds	423	423	98%	7e-119	76%	KX084564_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Seq6.3-SGA polyprotein gene, partial cds	423	423	98%	7e-119	77%	KX084556_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Seq6.2-SGA polyprotein gene, partial cds	423	423	98%	7e-119	77%	KX084555_1
Hepatitis C virus genotype 3 isolate Pt1.Seq1.4-SGA polyprotein gene, partial cds	423	423	98%	7e-119	77%	KX084553_1
Hepatitis C virus subtype 3a isolate patient 275 polyprotein gene, partial cds	423	423	98%	7e-119	77%	GQ356201_1
Hepatitis C virus subtype 3a isolate Pt5.Seq3.3-SGA polyprotein gene, partial cds	419	419	98%	9e-118	76%	KX084631_1

c. Perbandingan antara sekuen gen E1 dengan seluruh database HCV genotipe 6

**Sequences producing significant alignments:**

Select: All None Selected: 100

AT Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6p isolate QC216, complete genome	300	300	98%	2e-82	72%	EF424626.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6q isolate QC99, complete genome	277	305	97%	2e-75	70%	EF424625.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6o isolate QC227, complete genome	271	271	98%	8e-74	70%	EF424627.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C Virus subtype 6f isolate C-0044, complete genome	268	268	97%	1e-72	71%	DQ835760.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6f isolate C-0046, complete genome	257	257	97%	2e-69	70%	DQ835764.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus (isolate VN235) genomic RNA, complete genome	253	280	97%	2e-68	70%	D84263.2
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus (isolate JK046) genomic RNA, complete genome	253	253	96%	2e-68	71%	D63822.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6c isolate Th846, complete genome	248	248	97%	1e-66	70%	EF424629.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus genotype 6 isolate ZS202 polyprotein gene, complete cds	246	246	97%	3e-66	70%	KC844040.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus (isolate VN405) genomic RNA, complete genome	237	237	97%	2e-63	70%	D84264.2
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6e isolate GX004, complete genome	232	232	98%	7e-62	70%	DQ314805.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6j isolate Th553, complete genome	215	215	96%	6e-57	69%	DQ835769.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hepatitis C virus subtype 6m isolate C-0192, complete genome	215	215	97%	6e-57	69%	DQ835766.1



57

## Lampiran 12. Proses perbandingan sekuen gen E2 dengan seluruh database HCV genotipe 2,3,6

### a. Perbandingan antara sekuen gen E2 dengan seluruh database HCV genotipe 2

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:100

All Alignments	Download	GenBank	Graphics	Distance tree of results	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus genotype 2 gene for polyprotein_partial cds					951	951	99%	0.0	80%	D13406_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a genomic RNA_complete genome, strain: J6CF/JFH2.1					823	823	99%	0.0	77%	AB690461_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate S623 polyprotein gene, complete cds					803	803	96%	0.0	77%	KC844043_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate S699, complete genome					792	792	96%	0.0	77%	AF169005_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate G2aK3, complete genome					785	785	96%	0.0	76%	AF169004_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Synthetic construct for Hepatitis C virus subtype 2a polyprotein and GLuc2A gene					782	782	96%	0.0	77%	HQ48568_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV215 polyprotein gene, complete cds					782	782	96%	0.0	77%	HO639945_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV288 polyprotein gene, complete cds					782	782	96%	0.0	77%	HO639944_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV82 polyprotein gene, complete cds					782	782	96%	0.0	77%	HO639939_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus (isolate JFH-1) genomic RNA, complete genome					782	782	96%	0.0	77%	AB047639_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV51 polyprotein gene, complete cds					778	778	96%	0.0	76%	HQ639938_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate PR63, complete genome					774	774	97%	0.0	76%	KF676351_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-5, complete genome					774	774	99%	0.0	76%	AF238484_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate WYHCV283 polyprotein gene, complete cds					773	773	95%	0.0	77%	HQ639943_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate PR63cc, complete genome					769	769	97%	0.0	76%	KF676352_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-1, complete genome					764	764	99%	0.0	77%	AF238481_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-2, complete genome					755	755	97%	0.0	75%	AF169002_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate G2aK1, complete genome					735	735	98%	0.0	75%	AF169002_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a isolate NDM228, complete genome					735	735	95%	0.0	76%	AF238483_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-4, complete genome					733	733	95%	0.0	76%	AF238485_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 2a strain MD2a-7, complete genome										

### b. Perbandingan antara sekuen gen E2 dengan seluruh database HCV genotipe 3

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:100

All Alignments	Download	GenBank	Graphics	Distance tree of results	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus S52 polyprotein gene, complete cds					778	778	94%	0.0	77%	GU814263_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E13 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					778	778	94%	0.0	77%	GQ356676_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E06 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					778	778	94%	0.0	77%	GQ356669_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E14 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					774	774	94%	0.0	77%	GQ356677_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E12 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					774	774	94%	0.0	77%	GQ356675_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E03 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					774	774	94%	0.0	77%	GQ356666_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E01 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					774	774	94%	0.0	77%	GQ356664_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E02 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					769	769	94%	0.0	77%	GQ356665_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It16-E10 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					767	767	93%	0.0	76%	GQ356673_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone 099-0013 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					764	764	95%	0.0	76%	GQ356230_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a genomic RNA, complete genome, strain: HCV-TYMM					762	762	96%	0.0	76%	AB792683_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a isolate WYHCV255 polyprotein gene, partial cds					758	758	93%	0.0	76%	HQ639942_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone 099-0001 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					758	758	99%	0.0	75%	GQ356218_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone It14-A10 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					756	756	99%	0.0	75%	GQ356517_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a isolate PR87 polyprotein gene, complete cds					755	755	92%	0.0	76%	HQ912953_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone 099-0012 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					755	755	95%	0.0	76%	GQ356229_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a isolate patient 99 polyprotein gene, partial cds					755	755	95%	0.0	76%	GQ356216_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone 099-0024 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					749	749	95%	0.0	76%	GQ356241_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone 099-0023 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					749	749	95%	0.0	76%	GQ356240_1
<input checked="" type="checkbox"/>	Hepatitis C virus subtype 3a clone 099-0022 envelope protein 2 (E2) gene, partial cds					749	749	95%	0.0	76%	GQ356239_1

c. Perbandingan antara sekuen gen E2 dengan seluruh database HCV genotipe 6

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 87

All Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Hepatitis C virus subtype 6f isolate C-0044, complete genome	749	749	97%	0.0	76%	DQ835760.1
Hepatitis C virus subtype 6f isolate C-0046, complete genome	733	733	92%	0.0	76%	DQ835764.1
Hepatitis C virus subtype 6p isolate QC216, complete genome	729	729	96%	0.0	75%	EF424626.1
Hepatitis C virus subtype 6n isolate KM42, complete genome	729	729	94%	0.0	76%	AY878652.1
Hepatitis C virus subtype 6n isolate KM42, complete genome	729	729	94%	0.0	76%	DQ278894.1
Hepatitis C virus subtype 6n isolate D86/93, complete genome	726	726	94%	0.0	76%	DQ835768.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a66, complete genome	715	715	93%	0.0	76%	DQ480519.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a65, complete genome	710	710	98%	0.0	75%	DQ480518.1
Hepatitis C virus subtype 6a isolate PR144 polyprotein gene, complete cds	708	708	94%	0.0	75%	HQ912955.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a35, complete genome	699	699	97%	0.0	75%	DQ480513.1
Hepatitis C virus subtype 6a isolate WYHCV2 polyprotein gene, partial cds	695	695	96%	0.0	75%	HO639936.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a63, complete genome	695	695	97%	0.0	75%	DQ480514.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a61, complete genome	693	693	92%	0.0	76%	DQ480516.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a67, complete genome	691	691	93%	0.0	75%	DQ480520.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a73, complete genome	690	690	93%	0.0	75%	DQ480517.1
Hepatitis C virus subtype 6i isolate Th602, complete genome	688	688	99%	0.0	74%	DQ835770.1
Hepatitis C virus subtype 6a strain 6a77, complete genome	686	686	96%	0.0	75%	DQ480512.1
Hepatitis C virus (isolate VN235) genomic RNA, complete genome	686	686	96%	0.0	75%	D84263.2
Hepatitis C virus subtype 6i isolate 537796, complete genome	682	682	94%	0.0	74%	EF424628.1
Hepatitis C virus subtype 6i isolate Th553, complete genome	682	682	95%	0.0	75%	DQ835769.1

Universitas  
**Esa Unggul**

Universitas 59  
**Esa Unggul**

Universitas  
**Esa Unggul**

### Lampiran 13. Hasil penentuan daerah lestari untuk gen E1

#### a. Pada HCV genotipe 1

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: C:\Users\hp\Downloads\lcl-Query\_110011 and 100 other sequences.aln  
26/10/2017 09.17.39

Minimum segment length (actual for each sequence): 15  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.2  
Gaps limited to 2 per segment  
Contiguous gaps limited to 1 in any segment

2 conserved regions found

<p>Region 1: Position 33 to 53 Consensus: 33 GTCACGAACGACTGCTCCAAC 53</p> <p>Segment Length: 21 Average entropy (Hx): 0,0369</p> <table><tbody><tr><td>Position 33</td><td>:</td><td>0,0555</td></tr><tr><td>Position 34</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 35</td><td>:</td><td>0,0555</td></tr><tr><td>Position 36</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 37</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 38</td><td>:</td><td>0,1890</td></tr><tr><td>Position 39</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 40</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 41</td><td>:</td><td>0,1337</td></tr><tr><td>Position 42</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 43</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 44</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 45</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 46</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 47</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 48</td><td>:</td><td>0,0973</td></tr><tr><td>Position 49</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 50</td><td>:</td><td>0,1890</td></tr><tr><td>Position 51</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 52</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 53</td><td>:</td><td>0,0555</td></tr></tbody></table>	Position 33	:	0,0555	Position 34	:	0,0000	Position 35	:	0,0555	Position 36	:	0,0000	Position 37	:	0,0000	Position 38	:	0,1890	Position 39	:	0,0000	Position 40	:	0,0000	Position 41	:	0,1337	Position 42	:	0,0000	Position 43	:	0,0000	Position 44	:	0,0000	Position 45	:	0,0000	Position 46	:	0,0000	Position 47	:	0,0000	Position 48	:	0,0973	Position 49	:	0,0000	Position 50	:	0,1890	Position 51	:	0,0000	Position 52	:	0,0000	Position 53	:	0,0555	<p>Region 2: Position 385 to 401 Consensus: 385 TGGGATATGATGATGAA 401</p> <p>Segment Length: 17 Average entropy (Hx): 0,0173</p> <table><tbody><tr><td>Position 385</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 386</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 387</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 388</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 389</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 390</td><td>:</td><td>0,1971</td></tr><tr><td>Position 391</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 392</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 393</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 394</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 395</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 396</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 397</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 398</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 399</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 400</td><td>:</td><td>0,0000</td></tr><tr><td>Position 401</td><td>:</td><td>0,0973</td></tr></tbody></table>	Position 385	:	0,0000	Position 386	:	0,0000	Position 387	:	0,0000	Position 388	:	0,0000	Position 389	:	0,0000	Position 390	:	0,1971	Position 391	:	0,0000	Position 392	:	0,0000	Position 393	:	0,0000	Position 394	:	0,0000	Position 395	:	0,0000	Position 396	:	0,0000	Position 397	:	0,0000	Position 398	:	0,0000	Position 399	:	0,0000	Position 400	:	0,0000	Position 401	:	0,0973
Position 33	:	0,0555																																																																																																																	
Position 34	:	0,0000																																																																																																																	
Position 35	:	0,0555																																																																																																																	
Position 36	:	0,0000																																																																																																																	
Position 37	:	0,0000																																																																																																																	
Position 38	:	0,1890																																																																																																																	
Position 39	:	0,0000																																																																																																																	
Position 40	:	0,0000																																																																																																																	
Position 41	:	0,1337																																																																																																																	
Position 42	:	0,0000																																																																																																																	
Position 43	:	0,0000																																																																																																																	
Position 44	:	0,0000																																																																																																																	
Position 45	:	0,0000																																																																																																																	
Position 46	:	0,0000																																																																																																																	
Position 47	:	0,0000																																																																																																																	
Position 48	:	0,0973																																																																																																																	
Position 49	:	0,0000																																																																																																																	
Position 50	:	0,1890																																																																																																																	
Position 51	:	0,0000																																																																																																																	
Position 52	:	0,0000																																																																																																																	
Position 53	:	0,0555																																																																																																																	
Position 385	:	0,0000																																																																																																																	
Position 386	:	0,0000																																																																																																																	
Position 387	:	0,0000																																																																																																																	
Position 388	:	0,0000																																																																																																																	
Position 389	:	0,0000																																																																																																																	
Position 390	:	0,1971																																																																																																																	
Position 391	:	0,0000																																																																																																																	
Position 392	:	0,0000																																																																																																																	
Position 393	:	0,0000																																																																																																																	
Position 394	:	0,0000																																																																																																																	
Position 395	:	0,0000																																																																																																																	
Position 396	:	0,0000																																																																																																																	
Position 397	:	0,0000																																																																																																																	
Position 398	:	0,0000																																																																																																																	
Position 399	:	0,0000																																																																																																																	
Position 400	:	0,0000																																																																																																																	
Position 401	:	0,0973																																																																																																																	

#### b. Pada HCV Genotipe 2

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E1 gene\Alignment E1 with all genotype 2 HCV.aln  
26/10/2017 11.49.11

Minimum segment length (actual for each sequence): 8  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.6  
Gaps limited to 5 per segment  
Contiguous gaps limited to 3 in any segment

4 conserved regions found

<p>Region 1: Position 426 to 442  Consensus:  426 ATGATGATGAACTGGTC 442</p> <p>Segment Length: 17  Average entropy (Hx): 0,0591  Position 426 : 0,0000  Position 427 : 0,0000  Position 428 : 0,0000  Position 429 : 0,0000  Position 430 : 0,0000  Position 431 : 0,0000  Position 432 : 0,4904  Position 433 : 0,0000  Position 434 : 0,2573  Position 435 : 0,0000  Position 436 : 0,0000  Position 437 : 0,2573  Position 438 : 0,0000  Position 439 : 0,0000  Position 440 : 0,0000  Position 441 : 0,0000  Position 442 : 0,0000</p>	<p>Region 2: Position 538 to 545  Consensus:  538 CACTGGGG 545</p> <p>Segment Length: 8  Average entropy (Hx): 0,0587  Position 538 : 0,0000  Position 539 : 0,0000  Position 540 : 0,4692  Position 541 : 0,0000  Position 542 : 0,0000  Position 543 : 0,0000  Position 544 : 0,0000  Position 545 : 0,0000</p>
<p>Region 3: Position 562 to 572  Consensus:  562 GCCTACTTCTC 572</p> <p>Segment Length: 11  Average entropy (Hx): 0,1537  Position 562 : 0,0000  Position 563 : 0,0000  Position 564 : 0,3068  Position 565 : 0,0000  Position 566 : 0,0000  Position 567 : 0,4101  Position 568 : 0,0000  Position 569 : 0,2573  Position 570 : 0,4101  Position 571 : 0,3068  Position 572 : 0,0000</p>	<p>Region 4: Position 574 to 581  Consensus:  574 ATGCAGGG 581</p> <p>Segment Length: 8  Average entropy (Hx): 0,0578  Position 574 : 0,0000  Position 575 : 0,0000  Position 576 : 0,0000  Position 577 : 0,1541  Position 578 : 0,1541  Position 579 : 0,1541  Position 580 : 0,0000  Position 581 : 0,0000</p>

### c. Pada HCV Genotipe 3

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E1 gene\Alignment E1 with  
all genotype 3 HCV.aln  
26/10/2017 11.55.29

Minimum segment length (actual for each sequence): 8  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.6  
Gaps limited to 10 per segment  
Contiguous gaps limited to 6 in any segment

1 conserved regions found

Region 1: Position 451 to 464

Consensus:  
451 CCCCCAGACCTTGTT 464

Segment Length: 14  
Average entropy (Hx): 0,0990  
Position 451 : 0,0584  
Position 452 : 0,0000  
Position 453 : 0,0584  
Position 454 : 0,0000  
Position 455 : 0,0000  
Position 456 : 0,0000  
Position 457 : 0,1021  
Position 458 : 0,0000  
Position 459 : 0,5910  
Position 460 : 0,2758  
Position 461 : 0,0000  
Position 462 : 0,1603  
Position 463 : 0,1402  
Position 464 : 0,0000

#### d. Pada HCV Genotype 6

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E1 gene\Alignment E1 with  
all genotype 6 HCV.aln  
26/10/2017 12.02.57

Minimum segment length (actual for each sequence): 8  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.4  
Gaps limited to 4 per segment  
Contiguous gaps limited to 2 in any segment

3 conserved regions found

<p>Region 1: Position 211 to 220 Consensus: 211 GGGTTCCGCA 220</p> <p>Segment Length: 10 Average entropy (Hx): 0,1070 Position 211 : 0,0000 Position 212 : 0,0000 Position 213 : 0,2954 Position 214 : 0,1047 Position 215 : 0,0000 Position 216 : 0,2826 Position 217 : 0,0000 Position 218 : 0,0000 Position 219 : 0,1047 Position 220 : 0,2826</p>	<p>Region 2: Position 223 to 230 Consensus: 223 CATGTGGA 230</p> <p>Segment Length: 8 Average entropy (Hx): 0,0745 Position 223 : 0,0000 Position 224 : 0,0000 Position 225 : 0,3872 Position 226 : 0,0000 Position 227 : 0,0000 Position 228 : 0,2090 Position 229 : 0,0000 Position 230 : 0,0000</p>
<p>Region 3: Position 389 to 396 Consensus: 389 TCCATCTA 396</p> <p>Segment Length: 8 Average entropy (Hx): 0,1213 Position 389 : 0,0000 Position 390 : 0,0000</p>	

Position 391	:	0,2411
Position 392	:	0,3438
Position 393	:	0,0000
Position 394	:	0,3858
Position 395	:	0,0000
Position 396	:	0,0000

## Lampiran 14. Hasil penentuan daerah lestari untuk gen E2

### a. Pada HCV Genotipe 1

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E2 gene\Alignment E2 with genotype 1 HCV.aln  
26/10/2017 10.34.24

Minimum segment length (actual for each sequence): 15  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.2  
Gaps limited to 2 per segment  
Contiguous gaps limited to 1 in any segment

11 conserved regions found

<p>Region 1: Position 140 to 160 Consensus: 140 CTGAACTGCAATGACTCCCTC 160</p> <p>Segment Length: 21 Average entropy (Hx): 0,0394 Position 140 : 0,0555 Position 141 : 0,0000 Position 142 : 0,1110 Position 143 : 0,0000 Position 144 : 0,0000 Position 145 : 0,0973 Position 146 : 0,0000 Position 147 : 0,0000 Position 148 : 0,0973 Position 149 : 0,0000 Position 150 : 0,0000 Position 151 : 0,1337 Position 152 : 0,0000 Position 153 : 0,0000 Position 154 : 0,1110 Position 155 : 0,0555 Position 156 : 0,0555 Position 157 : 0,0000 Position 158 : 0,0555 Position 159 : 0,0000 Position 160 : 0,0555</p>	<p>Region 2: Position 260 to 280 Consensus: 260 CAGGGGTGGGGTCCCACACT 280</p> <p>Segment Length: 21 Average entropy (Hx): 0,0479 Position 260 : 0,0000 Position 261 : 0,0000 Position 262 : 0,0973 Position 263 : 0,0000 Position 264 : 0,0000 Position 265 : 0,1971 Position 266 : 0,0555 Position 267 : 0,0000 Position 268 : 0,0000 Position 269 : 0,0000 Position 270 : 0,0555 Position 271 : 0,1890 Position 272 : 0,0000 Position 273 : 0,0000 Position 274 : 0,1337 Position 275 : 0,1110 Position 276 : 0,0000 Position 277 : 0,0000 Position 278 : 0,0000 Position 279 : 0,0555 Position 280 : 0,1110</p>
<p>Region 3: Position 424 to 443 Consensus: 424 GTGGTGGGGACGACCGATCG 443</p> <p>Segment Length: 20 Average entropy (Hx): 0,0422 Position 424 : 0,0000 Position 425 : 0,0000 Position 426 : 0,1890 Position 427 : 0,0000 Position 428 : 0,0000 Position 429 : 0,0000 Position 430 : 0,0000 Position 431 : 0,0000 Position 432 : 0,0555 Position 433 : 0,0000</p>	<p>Region 4: Position 480 to 494 Consensus: 480 GACGGACGTGCTGCT 494</p> <p>Segment Length: 15 Average entropy (Hx): 0,0343 Position 480 : 0,0555 Position 481 : 0,0000 Position 482 : 0,0000 Position 483 : 0,1526 Position 484 : 0,0000 Position 485 : 0,0000 Position 486 : 0,0973 Position 487 : 0,0000 Position 488 : 0,0000 Position 489 : 0,0000</p>

Position 434 : 0,0000 Position 435 : 0,1526 Position 436 : 0,0000 Position 437 : 0,0000 Position 438 : 0,1971 Position 439 : 0,0000 Position 440 : 0,0000 Position 441 : 0,0973 Position 442 : 0,0973 Position 443 : 0,0555	Position 490 : 0,0555 Position 491 : 0,0000 Position 492 : 0,0555 Position 493 : 0,0973 Position 494 : 0,0000
Region 5: Position 520 to 536 Consensus: 520 GGCAACTGGTTCGGCTG 536 <p>Segment Length: 17  Average entropy (Hx): 0,0212</p> Position 520 : 0,0000 Position 521 : 0,0000 Position 522 : 0,0555 Position 523 : 0,0555 Position 524 : 0,0973 Position 525 : 0,0000 Position 526 : 0,0000 Position 527 : 0,0000 Position 528 : 0,0000 Position 529 : 0,0000 Position 530 : 0,0000 Position 531 : 0,0973 Position 532 : 0,0000 Position 533 : 0,0000 Position 534 : 0,0555 Position 535 : 0,0000 Position 536 : 0,0000	Region 6: Position 556 to 572 Consensus: 556 GGGTTCACCAAGACGTG 572 <p>Segment Length: 17  Average entropy (Hx): 0,0304</p> Position 556 : 0,0000 Position 557 : 0,0000 Position 558 : 0,1971 Position 559 : 0,0000 Position 560 : 0,0555 Position 561 : 0,0000 Position 562 : 0,0555 Position 563 : 0,0555 Position 564 : 0,0000 Position 565 : 0,0000 Position 566 : 0,0000 Position 567 : 0,0000 Position 568 : 0,0000 Position 569 : 0,0000 Position 570 : 0,1526 Position 571 : 0,0000 Position 572 : 0,0000
Region 7: Position 638 to 657 Consensus: 638 TGCTTCCGGAAGCACCCGA 657 <p>Segment Length: 20  Average entropy (Hx): 0,0352</p> Position 638 : 0,0000 Position 639 : 0,0000 Position 640 : 0,0973 Position 641 : 0,0000 Position 642 : 0,0000 Position 643 : 0,0555 Position 644 : 0,1337 Position 645 : 0,0000 Position 646 : 0,0973 Position 647 : 0,0000 Position 648 : 0,0000 Position 649 : 0,1667 Position 650 : 0,0000 Position 651 : 0,0000 Position 652 : 0,0973 Position 653 : 0,0000 Position 654 : 0,0000 Position 655 : 0,0555 Position 656 : 0,0000 Position 657 : 0,0000	Region 8: Position 731 to 747 Consensus: 731 TGGCACTACCCCTGCAC 747 <p>Segment Length: 17  Average entropy (Hx): 0,0033</p> Position 731 : 0,0000 Position 732 : 0,0000 Position 733 : 0,0000 Position 734 : 0,0000 Position 735 : 0,0000 Position 736 : 0,0555 Position 737 : 0,0000 Position 738 : 0,0000 Position 739 : 0,0000 Position 740 : 0,0000 Position 741 : 0,0000 Position 742 : 0,0000 Position 743 : 0,0000 Position 744 : 0,0000 Position 745 : 0,0000 Position 746 : 0,0000 Position 747 : 0,0000

Region 9: Position 890 to 905  
Consensus:  
890 ACAACAGAG-TGGCAG 905

Segment Length: 16  
Average entropy (Hx): 0,0295  
Position 890 : 0,0000  
Position 891 : 0,0000  
Position 892 : 0,1110  
Position 893 : 0,0000  
Position 894 : 0,0000  
Position 895 : 0,0973  
Position 896 : 0,0000  
Position 897 : 0,0000  
Position 898 : 0,0000  
Position 899 : 0,0555  
Position 900 : 0,0000  
Position 901 : 0,0000  
Position 902 : 0,0000  
Position 903 : 0,0000  
Position 904 : 0,0555  
Position 905 : 0,1526

Region 10: Position 974 to 991  
Consensus:  
974 CGTGGACGTGCAATACCT 991

Segment Length: 18  
Average entropy (Hx): 0,0352  
Position 974 : 0,1337  
Position 975 : 0,0000  
Position 976 : 0,0000  
Position 977 : 0,0000  
Position 978 : 0,0000  
Position 979 : 0,0000  
Position 980 : 0,0555  
Position 981 : 0,0555  
Position 982 : 0,0000  
Position 983 : 0,1941  
Position 984 : 0,0000  
Position 985 : 0,0000  
Position 986 : 0,0000  
Position 987 : 0,0000  
Position 988 : 0,0000  
Position 989 : 0,0973  
Position 990 : 0,0973  
Position 991 : 0,0000

Region 11: Position 1083 to 1105  
Consensus:  
1083 GCCTGCTTGTGGATGATGCTGCT 1105

Segment Length: 23  
Average entropy (Hx): 0,0391  
Position 1083 : 0,0000  
Position 1084 : 0,0000  
Position 1085 : 0,0973  
Position 1086 : 0,0000  
Position 1087 : 0,0000  
Position 1088 : 0,1971  
Position 1089 : 0,1667  
Position 1090 : 0,0000  
Position 1091 : 0,0973  
Position 1092 : 0,0000  
Position 1093 : 0,0000  
Position 1094 : 0,0000  
Position 1095 : 0,0000  
Position 1096 : 0,0000  
Position 1097 : 0,0000  
Position 1098 : 0,0000  
Position 1099 : 0,0000  
Position 1100 : 0,0000  
Position 1101 : 0,0555  
Position 1102 : 0,0000  
Position 1103 : 0,1337  
Position 1104 : 0,1526  
Position 1105 : 0,0000

b. Pada HCV Genotype 2

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E2 gene\Alignment E2 with genotype 2 HCV.aln  
26/10/2017 11.18.26

Minimum segment length (actual for each sequence): 15  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.6  
Gaps limited to 2 per segment  
Contiguous gaps limited to 1 in any segment

2 conserved regions found

Region 1: Position 104 to 122 Consensus: 104 CCAATGGCAGCTGGCACAT 122	Region 2: Position 474 to 492 Consensus: 474 CCTGGGGGGAGAATGAGAC 492
Segment Length: 19 Average entropy (Hx): 0,0992 Position 104 : 0,0000 Position 105 : 0,0000 Position 106 : 0,0000 Position 107 : 0,0000 Position 108 : 0,3768 Position 109 : 0,0000 Position 110 : 0,0000 Position 111 : 0,3768 Position 112 : 0,0000 Position 113 : 0,0000 Position 114 : 0,3768 Position 115 : 0,0000 Position 116 : 0,0000 Position 117 : 0,0000 Position 118 : 0,0000 Position 119 : 0,0000 Position 120 : 0,3768 Position 121 : 0,3768 Position 122 : 0,0000	Segment Length: 19 Average entropy (Hx): 0,1388 Position 474 : 0,0000 Position 475 : 0,3768 Position 476 : 0,0000 Position 477 : 0,0000 Position 478 : 0,0000 Position 479 : 0,0000 Position 480 : 0,0000 Position 481 : 0,3768 Position 482 : 0,0000 Position 483 : 0,3768 Position 484 : 0,3768 Position 485 : 0,0000 Position 486 : 0,0000 Position 487 : 0,0000 Position 488 : 0,0000 Position 489 : 0,3768 Position 490 : 0,3768 Position 491 : 0,3768 Position 492 : 0,0000

c. Pada HCV Genotype 3

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E2 gene\Alignment E2 with genotype 3 HCV.aln  
26/10/2017 10.37.34

Minimum segment length (actual for each sequence): 15  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.2  
Gaps limited to 2 per segment  
Contiguous gaps limited to 1 in any segment

2 conserved regions found	
Region 1: Position 228 to 244 Consensus: 228 AGCTGCAAGCCCATCAC 244	Region 2: Position 1166 to 1185 Consensus: 1166 ATCGAGGATCGTGACCGCAG 1185

Segment Length:	17
Average entropy (Hx):	0,0411
Position 228 :	0,0000
Position 229 :	0,0555
Position 230 :	0,0555
Position 231 :	0,0000
Position 232 :	0,0000
Position 233 :	0,1337
Position 234 :	0,0555
Position 235 :	0,0000
Position 236 :	0,0000
Position 237 :	0,0000
Position 238 :	0,0000
Position 239 :	0,0000
Position 240 :	0,0555
Position 241 :	0,0000
Position 242 :	0,1337
Position 243 :	0,0973
Position 244 :	0,1110

Segment Length:	20
Average entropy (Hx):	0,0638
Position 1166 :	0,1110
Position 1167 :	0,0000
Position 1168 :	0,1890
Position 1169 :	0,0000
Position 1170 :	0,0000
Position 1171 :	0,1667
Position 1172 :	0,0555
Position 1173 :	0,0000
Position 1174 :	0,0973
Position 1175 :	0,0555
Position 1176 :	0,0000
Position 1177 :	0,0555
Position 1178 :	0,0000
Position 1179 :	0,0555
Position 1180 :	0,1337
Position 1181 :	0,0555
Position 1182 :	0,0000
Position 1183 :	0,1890
Position 1184 :	0,1110
Position 1185 :	0,0000

#### d. Pada HCV Genotipe 6

BioEdit version 7.0.5.3 (10/28/05)  
Conserved region search  
Alignment file: E:\Universitas Esa Unggul\Hibah Internal\E2 gene\Alignment E2 with genotype 3 HCV.aln  
26/10/2017 10.37.34  
Minimum segment length (actual for each sequence): 15  
Maximum average entropy: 0.2  
Maximum entropy per position: 0.2  
Gaps limited to 2 per segment  
Contiguous gaps limited to 1 in any segment  
2 conserved regions found

Region 1: Position 228 to 244  
Consensus:  
228 AGCTGAAAGCCCATCAC 244

Segment Length:	17
Average entropy (Hx):	0,0411
Position 228 :	0,0000
Position 229 :	0,0555
Position 230 :	0,0555
Position 231 :	0,0000
Position 232 :	0,0000
Position 233 :	0,1337
Position 234 :	0,0555
Position 235 :	0,0000
Position 236 :	0,0000
Position 237 :	0,0000
Position 238 :	0,0000
Position 239 :	0,0000
Position 240 :	0,0555
Position 241 :	0,0000
Position 242 :	0,1337
Position 243 :	0,0973
Position 244 :	0,1110

Region 2: Position 1166 to 1185  
Consensus:

1166 ATCGAGGATCGTGACCGCAG 1185

Segment Length:	20
Average entropy (Hx):	0,0638
Position 1166 :	0,1110
Position 1167 :	0,0000
Position 1168 :	0,1890
Position 1169 :	0,0000
Position 1170 :	0,0000
Position 1171 :	0,1667
Position 1172 :	0,0555
Position 1173 :	0,0000
Position 1174 :	0,0973
Position 1175 :	0,0555
Position 1176 :	0,0000
Position 1177 :	0,0555
Position 1178 :	0,0000
Position 1179 :	0,0555
Position 1180 :	0,1337
Position 1181 :	0,0555
Position 1182 :	0,0000
Position 1183 :	0,1890
Position 1184 :	0,1110
Position 1185 :	0,0000

**Lampiran 15.** Karakteristik pasangan primer untuk gen E1-E2

**Primer pair 1**

	Sequence (5'->3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
<b>Forward primer</b>	CGCATGGCCTGGGATATGAT	Plus	20	376	395	60.03	55.00	4.00	3.00
<b>Reverse primer</b>	AAAACAGGGCGGCAATGAAC	Minus	20	754	735	59.97	50.00	3.00	0.00
<b>Product length</b>	379								

**Primer pair 2**

	Sequence (5'->3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
<b>Forward primer</b>	TGGTCATTACTGCCGCCAT	Plus	20	403	422	60.03	50.00	4.00	2.00
<b>Reverse primer</b>	CGGGACAATACCACAAGGCT	Minus	20	924	905	60.04	55.00	3.00	3.00
<b>Product length</b>	522								

**Primer pair 3**

	Sequence (5'->3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
<b>Forward primer</b>	AGCCTTGTGGTATTGTCCCG	Plus	20	905	924	60.04	55.00	3.00	2.00
<b>Reverse primer</b>	TATGGCCAGCTCTGTTGTGG	Minus	20	1456	1437	60.04	55.00	6.00	1.00
<b>Product length</b>	552								

**Primer pair 4**

	Sequence (5'->3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
<b>Forward primer</b>	TGAGACGGATGTGTTCTGC	Plus	20	1026	1045	60.04	55.00	3.00	2.00
<b>Reverse primer</b>	GTACTCCCACCTGATGGCCC	Minus	20	1588	1569	60.11	60.00	4.00	3.00
<b>Product length</b>	563								

**Primer pair 5**

	Sequence (5'->3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
<b>Forward primer</b>	CCACGGGATTCTGTCAAGACA	Plus	20	1100	1119	60.04	55.00	4.00	2.00
<b>Reverse primer</b>	TGAGACCAGTGGACAAAGCC	Minus	20	1502	1483	59.89	55.00	5.00	1.00
<b>Product length</b>	403								

**Primer pair 6**

	Sequence (5'->3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
<b>Forward primer</b>	TGCCCTGAAC TGCAATGACT	Plus	20	702	721	59.89	50.00	4.00	1.00

<b>Reverse primer</b>	TCAGGACATCCCGAGGAGTT	Minus	20	788	769	59.96	55.00	6.00	2.00
<b>Product length</b>	87								
<b>Primer pair 7</b>									
	<b>Sequence (5'-&gt;3')</b>	<b>Template strand</b>	<b>Length</b>	<b>Start</b>	<b>Stop</b>	<b>Tm</b>	<b>GC%</b>	<b>Self complementarity</b>	<b>Self 3' complementarity</b>
<b>Forward primer</b>	TCAGGAAACATCCCGATGCC	Plus	20	1191	1210	60.11	55.00	6.00	2.00
<b>Reverse primer</b>	GGACGACGTACTCCACTTG	Minus	20	1595	1576	60.11	60.00	6.00	2.00
<b>Product length</b>	405								
<b>Primer pair 8</b>									
	<b>Sequence (5'-&gt;3')</b>	<b>Template strand</b>	<b>Length</b>	<b>Start</b>	<b>Stop</b>	<b>Tm</b>	<b>GC%</b>	<b>Self complementarity</b>	<b>Self 3' complementarity</b>
<b>Forward primer</b>	GTTCGGCTGTACGTGGATGA	Plus	20	1077	1096	60.11	55.00	4.00	1.00
<b>Reverse primer</b>	GAAGGAGCAGGGCAGTATGG	Minus	20	1471	1452	60.18	60.00	2.00	0.00
<b>Product length</b>	395								
<b>Primer pair 9</b>									
	<b>Sequence (5'-&gt;3')</b>	<b>Template strand</b>	<b>Length</b>	<b>Start</b>	<b>Stop</b>	<b>Tm</b>	<b>GC%</b>	<b>Self complementarity</b>	<b>Self 3' complementarity</b>
<b>Forward primer</b>	ACACCCACAGGTCAACTCC	Plus	20	755	774	59.82	55.00	5.00	1.00
<b>Reverse primer</b>	CAAGGCTTGGGTGCGTAATG	Minus	20	911	892	59.83	55.00	7.00	1.00
<b>Product length</b>	157								
<b>Primer pair 10</b>									
	<b>Sequence (5'-&gt;3')</b>	<b>Template strand</b>	<b>Length</b>	<b>Start</b>	<b>Stop</b>	<b>Tm</b>	<b>GC%</b>	<b>Self complementarity</b>	<b>Self 3' complementarity</b>
<b>Forward primer</b>	CTTAGACATCATGGCCGGGG	Plus	20	459	478	60.25	60.00	5.00	2.00
<b>Reverse primer</b>	GATGTAGGTGTCCCGTCAA	Minus	20	588	569	60.11	55.00	4.00	0.00
<b>Product length</b>	130								

