

Lampiran 1



**KOMITE ETIK PENELITIAN KESEHATAN
FAKULTAS KEDOKTERAN UNIVERSITAS AIRLANGGA
SURABAYA**

**KETERANGAN KELAIKAN ETIK
("ETHICAL CLEARANCE")**

No. 339/EC/KEPK/FKUA/2014

KOMITE ETIK PENELITIAN KESEHATAN FAKULTAS KEDOKTERAN UNIVERSITAS AIRLANGGA SURABAYA, TELAH MEMPELAJARI SECARA SEKSAMA RANCANGAN PENELITIAN YANG DIUSULKAN, MAKA DENGAN INI MENYATAKAN BAHWA PENELITIAN BERJUDUL:

ANALISIS GEN *pfmdr1*, *pfert* DAN *pfATPase6* PADA DELAY PARASITE CLEARANCE PASIEN MALARIA *FALCIPARUM* DENGAN TERAPI DIHIDROARTEMISININ-PIPERAKUIN DI PROVINSI PAPUA

PENELITI UTAMA :

Petronella Marcia Risamasu

UNIT / LEMBAGA / TEMPAT PENELITIAN

1. Puskesmas Depapre Kabupaten Jayapura dan Puskesmas Arso Kota Kabupaten Kerom
2. Laboratorium Malaria, Lembaga Penyakit Tropis (LPT) Surabaya

DINYATAKAN LAIK ETIK.

Surabaya, 10 November 2014



Prof. Mersintowarti B. Narendra, dr, MSc, Sp.A(K)

LEMBAR INFORMASI UNTUK PERSETUJUAN PENELITIAN

Judul Penelitian :

Analisis gen *pfmdr1*, *pfprt* dan *pfATPase6* terhadap *delay parasite clearance* pasien malaria *falciparum* dengan terapi Dihidroartemisinin-Piperakuin di Provinsi Papua

Malaria merupakan salah satu masalah kesehatan diseluruh dunia, karena menyebabkan lebih dari 1 juta kematian setiap tahun. Diperkirakan 225 juta penduduk dunia sakit karena malaria pada tahun 2009.

P.falciparum yang menyebabkan malaria tropika merupakan spesies yang paling berbahaya dibanding spesies lainnya yang dapat menginfeksi manusia (*P.vivax* dan *P.ovale* yang sebabkan malaria tertiana, dan *P.malariae* yang sebabkan malaria kwartana).

Kabupaten Jayapura dan Kabupaten Keerom, Provinsi Papua merupakan salah satu daerah endemis tinggi dimana Malaria menempati Sepuluh Besar Penyakit dan Sepuluh Besar Penyebab Kematian hampir setiap tahun.

Salah satu upaya untuk menurunkan angka kematian dan kesakitan karena malaria dan memutus mata rantai penularan adalah melalui diagnosis dini dan pengobatan cepat dan tepat. Pengobatan malaria untuk daerah Papua sejak tahun 2006 telah menggunakan *Artemisinin-based Combination Therapy (ACT)* dimana pada tahun 2008 dengan regimen Dihidroartemisinin - Piperakuin (DHP/ ® Arterakin) sebagai lini pertama untuk pengobatan malaria tanpa komplikasi.

Berdasarkan hal tersebut diatas, maka kami bermaksud melakukan pemeriksaan dan penelitian untuk memeriksa darah anda untuk diagnosis malaria serta melakukan identifikasi adanya mutasi genetik yang terkait dengan efikasi obat DHP (® Arterakin). Hal ini berguna sebagai bahan pertimbangan dalam penentuan obat malaria baik secara individu bagi pasien sendiri maupun dalam penentuan kebijakan Pengobatan Malaria di Papua dan Indonesia pada umumnya.

Bila anda setuju mengikuti penelitian ini, kami akan memberikan beberapa pertanyaan yang berkaitan dengan malaria termasuk pengobatan malaria, riwayat menderita malaria dan penggunaan kelambu. Kami juga akan melaksanakan pemeriksaan badan terhadap diri anda, misalnya suhu badan, pembesaran limpa dan pengambilan darah dari ujung jari secara aseptik untuk pemeriksaan malaria dengan mikroskop maupun PCR. Kami tidak melakukan tes lain untuk penyakit lain dari darah anda. Waktu yang dibutuhkan untuk wawancara, pemeriksaan badan dan pengambilan darah ini sekitar 20 menit. Semua jawaban dan hasil tes akan tersimpan secara rahasia dan aman. Jika anda setuju berpartisipasi tetapi tidak mau diambil darahnya, anda dapat menolaknya.

Anda juga dapat menolak menjawab pertanyaan-pertanyaan yang tidak anda inginkan. Anda bebas untuk berpartisipasi atau tidak.

Keuntungan

Kami akan memberikan pemeriksaan malaria dari sedikit darah anda untuk memantau keberhasilan pengobatan. Bila kami berpikir anda membutuhkan pengobatan lebih lanjut, maka kami akan merujuk anda ke staf klinik, dan mereka akan mampu untuk memberikan pengobatan yang dibutuhkan.

Kami akan melakukan tes malaria pada hari ke 1, 2, 3, 7 dan 14 (Jika diperlukan sampai hari ke 28), sehingga anda dapat mengetahui apakah masih terdapat parasit malaria setelah diberi pengobatan sesuai protokol

Resiko ketidaknyaman

Pada pengambilan darah akan terjadi goresan kecil dan umumnya akan menghilang dengan segera tanpa pengobatan. Darah yang terambil adalah sedikit dan tidak menyebabkan efek samping yang mempengaruhi kesehatan. Bila darah anda menunjukkan malaria, kami akan memberikan pengobatan

Jika anda mempunyai pertanyaan atau keluhan mengenai aspek penelitian ini, anda dapat kontak ke kami di nomor Hp. 08124808324

Atas perhatian dan kesediaan saudara untuk ikut dalam penelitian ini, saya ucapkan banyak terima kasih.

Petronella M.Risamasu, dr.,M.Ked.Trop

Program Studi Ilmu Kedokteran Jenjang doktor

FK Universitas Airlangga Surabaya

.....

Lampiran 3

PERNYATAAN PERSETUJUAN
(Informed Consent)

Setelah memahami penjelasan mengenai maksud, tujuan serta pentingnya penelitian ini, saya bersedia memberikan informasi serta melakukan pemeriksaan yang berkaitan dengan kebutuhan penelitian serta bersedia dilakukan tindakan pengambilan darah dari ujung jari untuk pemeriksaan malaria.

Saya setuju mengikuti penelitian ini

....., 2014

Tanda tangan

(nama terang)

Saksi

Saya menjelaskan bahwa partisipan dibacakan informasi persetujuan dan semua pertanyaan terjawab. Partisipan setuju mengikuti penelitian ini.

....., 2014

Tanda tangan

.....(nama terang)

Lampiran 4

Hasil Uji Statistik

1. Karakteristik Sampel

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0)	Mean	39571.58	7790.698	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	24111.19	
		Upper Bound	55031.96	
	5% Trimmed Mean	26779.86		
	Median	7000.00		
	Variance	6008802743		
	Std. Deviation	77516.468		
	Minimum	32		
	Maximum	340000		
	Range	339968		
	Interquartile Range	29680		
	Skewness	2.644	.243	
	Kurtosis	6.595	.481	

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Parasit seksual H0	Mean	622.67	262.574	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	44.74	
		Upper Bound	1200.59	
	5% Trimmed Mean	518.52		
	Median	220.00		
	Variance	827343.515		
	Std. Deviation	909.584		
	Minimum	40		
	Maximum	3080		
	Range	3040		
	Interquartile Range	812		
	Skewness	2.174	.637	
	Kurtosis	4.725	1.232	

Parasit seksual H0 * Lokasi penelitian Crosstabulation

Count

		Lokasi penelitian		Total
		Arso Kota	Depapre	
Parasit seksual H0	tidak	42	45	87
	ya	3	9	12
Total		45	54	99

2. Uji Normalitas : Parasitemia pada H0, umur dan temperatur aksila

One-Sample Kolmogorov-Smirnov Test

		Baseline Parasit aseksual/ μ Ld arah (H0)	Umur dalam tahun	Temp. aksila pada H0($^{\circ}$ C)
N		99	99	99
Normal Parameters ^{a,b}	Mean	39571.58	16.95	37.56
	Std. Deviation	77516.468	15.601	1.279
Most Extreme Differences	Absolute	.336	.236	.113
	Positive	.336	.236	.113
	Negative	-.305	-.159	-.081
Kolmogorov-Smirnov Z		3.341	2.351	1.122
Asymp. Sig. (2-tailed)		.000	.000	.161

a. Test distribution is Normal.

b. Calculated from data.

3. Komparasi : Distribusi parasitemia aseksual pada H0 berdasarkan kategori Golongan umur (tahun), etnis pasien dan temperatur aksila (demam/tidak demam)

Hypothesis Test Summary

Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1 The distribution of Parasitemia pada H0/ μ L is the same across categories of Umur dalam tahun.	Independent-Samples Kruskal-Wallis Test	.003	Reject the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Hypothesis Test Summary

Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1 The distribution of Parasitemia pada H0/ μ L is the same across categories of etnis pasien.	Independent-Samples Mann-Whitney U Test	.012	Reject the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Hypothesis Test Summary

Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1 The distribution of Parasitemia pada H0/ μ L is the same across categories of Temp. aksila pada H0 ($^{\circ}$ C).	Independent-Samples Mann-Whitney U Test	.087	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

4. **Crosstab** : Etnis, status demam dan densitas parasitemia pada H0

Variabel		n (%)	Parasitemia aseksual/ μ l darah pada H0				
			Median (nilai tengah)	Mean (rerata)	SD (simpangan baku)	Rentang	
						minimal	Maksimal
Etnis Papua	Demam	41 (41.4)	14680	52416	81373.9	48	332000
	Tidak demam	40 (40.4)	5520	42157	86884,4	32	340000
Etnis Non Papua	Demam	7(7.1)	1008	4485	5620.2	48	13520
	Tidak demam	11 (11.1)	2120	4620	5562.6	240	16040

a) Parasitemia aseksual pada etnis Papua yang demam dan tidak demam :

Mann-Whitney U test (α : 0.05) : tidak signifikan

Ranks

Temp. aksila pada H0(° C) dan etnis	N	Mean Rank	Sum of Ranks
Parasit/ μ Ldarah Papua, demam	41	45.35	1859.50
Papua, tidak demam	40	36.54	1461.50
Total	81		

Test Statistics^a

	Parasit/ μ Ldar ah
Mann-Whitney U	641.500
Wilcoxon W	1461.500
Z	-1.686
Asymp. Sig. (2-tailed)	.092

a. Grouping Variable: Temp. aksila pada H0(°C) dan etnis

b) Parasitemia aseksual pada etnis non Papua yang demam dan tidak demam:

Mann-Whitney U test (α : 0.05): tidak signifikan

Ranks

Temp. aksila pada H0(° C) dan etnis	N	Mean Rank	Sum of Ranks
Parasit/ μ Ldarah non Papua, demam	7	9.00	63.00
non Papua, tidak demam	11	9.82	108.00
Total	18		

Test Statistics^a

	Parasit/ μ Ldar ah
Mann-Whitney U	35.000
Wilcoxon W	63.000
Z	-.317
Asymp. Sig. (2-tailed)	.751
Exact Sig. [2*(1-tailed Sig.)]	.791 ^b

a. Grouping Variable: Temp. aksila pada H0(°C) dan etnis

b. Not corrected for ties.

- c) Parasitemia aseksual pada etnis Papua dan non Papua yang demam:
Mann-Whitney U test (α : 0.05): signifikan

Ranks				
Temp. aksila pada H0(°C) dan etnis		N	Mean Rank	Sum of Ranks
Parasit/μLdarah	Papua, demam	41	26.34	1080.00
	non Papua, demam	7	13.71	96.00
Total		48		

Test Statistics ^a	
	Parasit/μLdarah
Mann-Whitney U	68.000
Wilcoxon W	96.000
Z	-2.206
Asymp. Sig. (2-tailed)	.027
Exact Sig. [2*(1-tailed Sig.)]	.026 ^b

a. Grouping Variable: Temp. aksila pada H0(°C) dan etnis
b. Not corrected for ties.

- d) Parasitemia aseksual pada etnis Papua dan non Papua yang tidak demam:
Mann-Whitney U test (α : 0.05): tidak signifikan

Ranks				
Temp. aksila pada H0(°C) dan etnis		N	Mean Rank	Sum of Ranks
Parasit/μLdarah	Papua, tidak demam	40	27.24	1089.50
	non Papua, tidak demam	11	21.50	236.50
Total		51		

Test Statistics ^a	
	Parasit/μLdarah
Mann-Whitney U	170.500
Wilcoxon W	236.500
Z	-1.134
Asymp. Sig. (2-tailed)	.257

a. Grouping Variable: Temp. aksila pada H0(°C) dan etnis

5. Pengamatan (*Follow-up*) Parasitemia aseksual

5.1 Pengamatan hari 1 setelah minum obat DHP (H1)

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Parasit aseksual pada H1/ μ L	Mean	1848.80	1356.095	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	-850.44	
		Upper Bound	4548.04	
	5% Trimmed Mean	287.22		
	Median	120.00		
	Variance	147119422.5		
	Std. Deviation	12129.280		
	Minimum	16		
	Maximum	108120		
	Range	108104		
	Interquartile Range	312		
	Skewness	8.740	.269	
	Kurtosis	77.372	.532	

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The median of differences between Parasit aseksual pada H1/ μ L and Parasitemia pada H0/ μ L equals 0.	Related-Samples Wilcoxon Signed Rank Test	.000	Reject the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Count		Lokasi penelitian		Total
		Arso Kota	Depapre	
Parasit seksual H1	tidak	38	44	82
	ya	7	10	17
Total		45	54	99

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Parasit seksual H1	Mean	495.06	201.393	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	68.13	
		Upper Bound	921.99	
	5% Trimmed Mean	371.40		
	Median	200.00		
	Variance	689503.059		
	Std. Deviation	830.363		
	Minimum	16		
	Maximum	3200		
	Range	3184		
	Interquartile Range	540		
	Skewness	2.661	.550	
	Kurtosis	7.287	1.063	

5.2 Pengamatan hari 2 setelah minum obat DHP (H2)**Descriptives**

			Statistic	Std. Error
Parasit aseksual pada H2/ μ L	Mean		411.40	96.550
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	218.63	
		Upper Bound	604.17	
	5% Trimmed Mean		281.37	
	Median		144.00	
	Variance		624571.275	
	Std. Deviation		790.298	
	Minimum		16	
	Maximum		5480	
	Range		5464	
	Interquartile Range		352	
	Skewness		4.638	.293
	Kurtosis		26.449	.578

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The median of differences between Parasit/ μ Ldarah H2 and Parasit/ μ Ldarah H1 equals 0.	Related-Samples Wilcoxon Signed Rank Test	.499	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Parasit seksual H2 * Lokasi penelitian Crosstabulation

Count

		Lokasi penelitian		Total
		Arso Kota	Depapre	
Parasit seksual H2	tidak	36	46	82
	ya	9	8	17
Total		45	54	99

Descriptives

			Statistic	Std. Error
Parasit seksual H2	Mean		600.94	315.076
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	-66.99	
		Upper Bound	1268.87	
	5% Trimmed Mean		400.16	
	Median		160.00	
	Variance		1687639.059	
	Std. Deviation		1299.092	
	Minimum		16	
	Maximum		4800	
	Range		4784	
	Interquartile Range		220	
	Skewness		2.805	.550
	Kurtosis		7.445	1.063

5.3 Pengamatan hari 3 setelah minum obat DHP (H3)**Descriptives**

		Statistic	Std. Error	
Parasit/ μ Ldarah H3	Mean	990.78	284.783	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	420.72	
		Upper Bound	1560.83	
	5% Trimmed Mean	603.67		
	Median	240.00		
	Variance	4784983.864		
	Std. Deviation	2187.461		
	Minimum	16		
	Maximum	13120		
	Range	13104		
	Interquartile Range	488		
	Skewness	3.928	.311	
	Kurtosis	17.461	.613	

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The median of differences between Parasit/ μ Ldarah H3 and Parasit/ μ Ldarah H2 equals 0.	Related-Samples Wilcoxon Signed Rank Test	.007	Reject the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Parasit seksual H3 * Lokasi penelitian Crosstabulation

Count		Lokasi penelitian		Total
		Aroso Kota	Depapre	
Parasit seksual H3	tidak	41	48	89
	ya	4	6	10
Total		45	54	99

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Parasit seksual H3	Mean	954.40	577.997	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	-353.12	
		Upper Bound	2261.92	
	5% Trimmed Mean	792.89		
	Median	80.00		
	Variance	3340800.711		
	Std. Deviation	1827.786		
	Minimum	16		
	Maximum	4800		
	Range	4784		
	Interquartile Range	1208		
	Skewness	1.816	.687	
	Kurtosis	1.711	1.334	

5.4 Pengamatan hari 7 setelah minum obat DHP (H7)**Descriptives**

		Statistic	Std. Error	
Parasit/ μ Ldarah H7	Mean	1279.08	453.183	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	345.73	
		Upper Bound	2212.42	
	5% Trimmed Mean	900.79		
	Median	220.00		
	Variance	5339736.714		
	Std. Deviation	2310.787		
	Minimum	16		
	Maximum	11000		
	Range	10984		
	Interquartile Range	1974		
	Skewness	3.266	.456	
	Kurtosis	12.726	.887	

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The median of differences between Parasit/ μ Ldarah H7 and Parasit/ μ Ldarah H3 equals 0.	Related-Samples Wilcoxon Signed Rank Test	.309	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Parasit seksual H7 * Lokasi penelitian Crosstabulation

Count		Lokasi penelitian		Total
		Arso Kota	Depapre	
Parasit seksual H7	tidak	40	52	92
	ya	5	2	7
Total		45	54	99

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Parasit seksual H7	Mean	265.14	149.232	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	-100.02	
		Upper Bound	630.30	
	5% Trimmed Mean	231.49		
	Median	120.00		
	Variance	155891.810		
	Std. Deviation	394.831		
	Minimum	16		
	Maximum	1120		
	Range	1104		
	Interquartile Range	320		
	Skewness	2.210	.794	
	Kurtosis	5.040	1.587	

5.5 Pengamatan hari 14 setelah minum obat DHP (H14)**Descriptives**

		Statistic	Std. Error	
Parasitemia aseksual pada H14/ μ L	Mean	2589.00	1792.462	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	-1118.99	
		Upper Bound	6296.99	
	5% Trimmed Mean	829.33		
	Median	400.00		
	Variance	77110059.48		
	Std. Deviation	8781.233		
	Minimum	16		
	Maximum	43560		
	Range	43544		
	Interquartile Range	1350		
	Skewness	4.802	.472	
	Kurtosis	23.329	.918	

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The median of differences between Parasit/ μ Ldarah H14 and Parasit/ μ Ldarah H7 equals 0.	Related-Samples Wilcoxon Signed Rank Test	.494	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Count		Lokasi penelitian		Total
		Arso Kota	Depapre	
Parasit seksual H14	tidak	37	54	91
	ya	8	0	8
Total		45	54	99

Descriptives

		Statistic	Std. Error	
Parasit seksual H14	Mean	105.50	31.112	
	95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	31.93	
		Upper Bound	179.07	
	5% Trimmed Mean	99.89		
	Median	80.00		
	Variance	7743.714		
	Std. Deviation	87.998		
	Minimum	32		
	Maximum	280		
	Range	248		
	Interquartile Range	131		
	Skewness	1.459	.752	
	Kurtosis	1.223	1.481	

6. Delayed Parasite Clearance : H3 positif

Descriptives					
Parasit aseksual pada H3			Statistic	Std. Error	
Parasit/μLdarah	ya	Mean		46744.44	10748.615
		95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound	25228.75	
			Upper Bound	68260.13	
		5% Trimmed Mean		33483.64	
		Median		10960.00	
		Variance		6816430782	
		Std. Deviation		82561.679	
		Minimum		32	
		Maximum		340000	
		Range		339968	
		Interquartile Range		49000	
		Skewness		2.478	.311
		Kurtosis		5.785	.613
		tidak	ya	Mean	
95% Confidence Interval for Mean	Lower Bound			6905.46	
	Upper Bound			51077.74	
5% Trimmed Mean				17405.11	
Median				3680.00	
Variance				4769146115	
Std. Deviation				69059.005	
Minimum				32	
Maximum				324000	
Range				323968	
Interquartile Range				13708	
Skewness				3.075	.374
Kurtosis				9.388	.733

6.1) H3 positif dan baseline parasit aseksual**Mann-Whitney U test** (α : 0.05) : tidak signifikan**Parasit aseksual H3 * Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0)**
Crosstabulation

Count

	Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0)	Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0)		Total
		<100.000parasit aseksual / μ l darah	>100.000parasit aseksual / μ l darah	
Parasit aseksual H3 tidak		36	4	40
ya		48	11	59
Total		84	15	99

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The distribution of Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0) is the same across categories of Parasit aseksual H3.	Independent-Samples Mann-Whitney U Test	.070	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

6.2) H3 positif dan kelompok umur**Chi-Square test** : signifikan, uji asosiasi (**Cramer's** : 0.353)**Kelompok umur dalam tahun * Parasit aseksual H3 Crosstabulation**

Count

		Parasit aseksual H3		Total
		tidak	ya	
Kelompok umur dalam tahun	Balita	4	13	17
	Anak	17	30	47
	Dewasa muda	4	8	12
	Dewasa	15	6	21
	Lansia	0	2	2
Total		40	59	99

Chi-Square Tests

	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)	Point Probability
Pearson Chi-Square	12.360 ^a	4	.015	.010		
Likelihood Ratio	13.107	4	.011	.012		
Fisher's Exact Test	11.552			.014		
Linear-by-Linear Association	5.835 ^b	1	.016	.016	.010	.004
N of Valid Cases	99					

a. 3 cells (30.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is .81.

b. The standardized statistic is -2.416.

Symmetric Measures

		Value	Approx. Sig.	Exact Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.353	.015	.010
	Cramer's V	.353	.015	.010
	Contingency Coefficient	.333	.015	.010
N of Valid Cases		99		

6.3) H3 positif dan etnis pasien

Chi-Square test : signifikan, uji asosiasi (*Phi* : 0.306)

etnis pasien * Parasit aseksual H3 Crosstabulation

Count

		Parasit aseksual H3		Total
		tidak	ya	
etnis pasien	Papua	27	54	81
	non-Papua	13	5	18
Total		40	59	99

Chi-Square Tests

	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	9.250 ^a	1	.002	.003	.003
Continuity Correction ^b	7.705	1	.006		
Likelihood Ratio	9.188	1	.002		
Fisher's Exact Test					
Linear-by-Linear Association	9.156	1	.002		
N of Valid Cases	99				

a. 0 cells (0.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 7.27.

b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures

		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	-.306	.002
	Cramer's V	.306	.002
	Contingency Coefficient	.292	.002
N of Valid Cases		99	

6.4) Regresi Logistik (metode : Backward stepwise/Wald)

(IV : baseline parasitemia, kelompok umur, etnis, status demam; DV: H3+) ≥

Variables in the Equation

	B	S.E.	Wald	df	Sig.	Exp(B)	95% C.I.for EXP(B)	
							Lower	Upper
Step 1 ^a Baselineparasite(1)	-.282	.687	.168	1	.682	.754	.196	2.899
Kelomp.umur(1)	.334	.480	.485	1	.486	1.397	.545	3.582
Etnis(1)	1.574	.603	6.811	1	.009	4.826	1.480	15.742
Temp.H0.klp(1)	-.424	.444	.914	1	.339	.654	.274	1.562
Constant	-.581	.925	.395	1	.530	.559		
Step 2 ^a Kelomp.umur(1)	.404	.451	.804	1	.370	1.498	.619	3.627
Etnis(1)	1.600	.600	7.110	1	.008	4.955	1.528	16.065
Temp.H0.klp(1)	-.402	.440	.834	1	.361	.669	.282	1.586
Constant	-.884	.560	2.498	1	.114	.413		
Step 3 ^a Etnis(1)	1.717	.586	8.591	1	.003	5.565	1.766	17.539
Temp.H0.klp(1)	-.429	.437	.963	1	.326	.651	.276	1.534
Constant	-.798	.549	2.113	1	.146	.450		
Step 4 ^a Etnis(1)	1.649	.577	8.175	1	.004	5.200	1.680	16.100
Constant	-.956	.526	3.297	1	.069	.385		

a. Variable(s) entered on step 1: Baselineparasite, Kelomp.umur, Etnis, Temp.H0.klp.

6.5) H3 positif dan *Treatment failure*

Count		Early Treatment failure		Total
		tidak	Ya	
Parasit aseksual H3	tidak	38	2	40
	ya	41	18	59
Total		79	20	99

Count		Late Treatment failure		Total
		tidak	Ya	
Parasit aseksual H3	tidak	29	11	40
	ya	40	19	59
Total		69	30	99

Count		Treatment Failure		Total
		tidak	Ya	
Parasit aseksual H3	tidak	27	13	40
	ya	22	37	59
Total		49	50	99

Chi-Square Tests					
	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	8.704 ^a	1	.003		
Continuity Correction ^b	7.538	1	.006		
Likelihood Ratio	8.851	1	.003		
Fisher's Exact Test				.004	.003
Linear-by-Linear Association	8.616	1	.003		
N of Valid Cases	99				

a. 0 cells (0.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 19.80.

b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures			
		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.297	.003
	Cramer's V	.297	.003
N of Valid Cases		99	

a) H3 positif dan *early treatment failure*

Parasit aseksual H3 * Early Treatment failure Crosstabulation				
Count		Early Treatment failure		Total
		tidak	Ya	
Parasit aseksual H3	tidak	38	2	40
	ya	41	18	59
Total		79	20	99

Chi-Square Tests					
	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	9.622 ^a	1	.002		
Continuity Correction ^b	8.105	1	.004		
Likelihood Ratio	11.167	1	.001		
Fisher's Exact Test				.002	.001
Linear-by-Linear Association	9.525	1	.002		
N of Valid Cases	99				

a. 0 cells (0.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 8.08.

b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures			
		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.312	.002
	Cramer's V	.312	.002
N of Valid Cases		99	

b) H3 positif dan *late treatment failure*

Parasit aseksual H3 * Late Treatment failure Crosstabulation				
Count				
		Late Treatment failure		Total
		tidak	Ya	
Parasit aseksual H3	tidak	29	11	40
	ya	40	19	59
Total		69	30	99

Chi-Square Tests					
	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	.250 ^a	1	.617		
Continuity Correction ^b	.077	1	.782		
Likelihood Ratio	.251	1	.616		
Fisher's Exact Test				.662	.393
Linear-by-Linear Association	.247	1	.619		
N of Valid Cases	99				

a. 0 cells (0.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 12.12.
b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures			
		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.050	.617
	Cramer's V	.050	.617
N of Valid Cases		99	

6.6). H3 positif dan gametosemia pada H7 dan H14

Parasit aseksual H3 * Parasit seksual H7,14 Crosstabulation				
Count				
		Parasit seksual H7,14		Total
		tidak	ya	
Parasit aseksual H3	tidak	39	1	40
	ya	48	11	59
Total		87	12	99

Chi-Square Tests					
	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	5.833 ^a	1	.016		
Continuity Correction ^b	4.416	1	.036		
Likelihood Ratio	7.015	1	.008		
Fisher's Exact Test				.025	.013
Linear-by-Linear Association	5.774	1	.016		
N of Valid Cases	99				

a. 1 cells (25.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 4.85.
b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures			
		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.243	.016
	Cramer's V	.243	.016
N of Valid Cases		99	

Crosstab				
Count				
		Parasit seksual H7		Total
		tidak	ya	
Parasit aseksual H3	tidak	39	1	40
	ya	53	6	59
Total		92	7	99

Chi-Square Tests					
	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	2.134 ^a	1	.144	.236	.144
Continuity Correction ^b	1.126	1	.289		
Likelihood Ratio	2.432	1	.119		
Fisher's Exact Test					
Linear-by-Linear Association	2.112	1	.146		
N of Valid Cases	99				

a. 2 cells (50.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 2.83.

b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures			
		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.147	.144
	Cramer's V	.147	.144
N of Valid Cases		99	

Crosstab				
Count				
		Parasit seksual H14		Total
		tidak	ya	
Parasit aseksual H3	tidak	40	0	40
	ya	51	8	59
Total		91	8	99

Chi-Square Tests					
	Value	df	Asymp. Sig. (2-sided)	Exact Sig. (2-sided)	Exact Sig. (1-sided)
Pearson Chi-Square	5.901 ^a	1	.015	.020	.013
Continuity Correction ^b	4.216	1	.040		
Likelihood Ratio	8.754	1	.003		
Fisher's Exact Test					
Linear-by-Linear Association	5.841	1	.016		
N of Valid Cases	99				

a. 2 cells (50.0%) have expected count less than 5. The minimum expected count is 3.23.

b. Computed only for a 2x2 table

Symmetric Measures			
		Value	Approx. Sig.
Nominal by Nominal	Phi	.244	.015
	Cramer's V	.244	.015
N of Valid Cases		99	

7. H7 dan H14 positif

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The distribution of Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0) is the same across categories of Parasit seksual H7.	Independent-Samples Mann-Whitney U Test	.121	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Hypothesis Test Summary

	Null Hypothesis	Test	Sig.	Decision
1	The distribution of Baseline Parasit aseksual/ μ Ldarah (H0) is the same across categories of Parasit aseksual H14.	Independent-Samples Mann-Whitney U Test	.503	Retain the null hypothesis.

Asymptotic significances are displayed. The significance level is .05.

Lampiran 5

Hasil Sekuensing DNA

Multiple Alignment:

```

      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      10      20      30      40      50      60      70
3d7_F -NNNNNNNNA TTTT-TCNTT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTTGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
14_F  -NNNNNNNANN TTTNNACATT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTTGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
48_F  -NNNNANANT TTTN-ACATT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTTGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
36_F  --NNNNNANT TTTT-ACATT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTTGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
37_F  --CNNNNANT TTTN-NCNTT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTTGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
58_F  -NNNNNANT TTTN-ACNTT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTTGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
Clust  ** * *   *** * **   *****   *****   *****   *****   *****
      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      80      90      100     110     120     130     140
3d7_F GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
14_F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
48_F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
36_F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
37_F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
58_F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
Clust *****   *****   *****   *****   *****   *****   *****

```

```

      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      150     160     170     180     190     200     210
3d7_F TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
14_F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
48_F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
36_F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
37_F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
58_F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
Clust *****   *****   *****   *****   *****   *****   *****
      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      220     230     240     250     260     270     280
3d7_F TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTTAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTTAAATA TACCTAGAAG
14_F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTTAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTTAAATA TACCTAGAAG
48_F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTTAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTTAAATA TACCTAGAAG
36_F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTTAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTTAAATA TACCTAGAAG
37_F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTTAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTTAAATA TACCTAGAAG
58_F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTTAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTTAAATA TACCTAGAAG
Clust *****   *****   *****   *****   *****   *****   *****

```

```

      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      290     300     310     320     330     340     350
3d7_F AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGGCTC TTCTATTATA
14_F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGGCTC TTCTATTATA
48_F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGGCTC TTCTATTATA
36_F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGGCTC TTCTATTATA
37_F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGGCTC TTCTATTATA
58_F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGGCTC TTCTATTATA
Clust *****   *****   *****   *****   *****   *****   *****
      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      360     370     380     390     400     410     420
3d7_F CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
14_F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
48_F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
36_F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
37_F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
58_F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
Clust *****   *****   *****   *****   *****   *****   *****

```

```

      ....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      430     440     450     460     470     480     490
3d7_F CATCAGCTAT GTGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGGTG AGAGATTAAA
14_F  CATCAGCTAT GTGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGGTG AGAGATTAAA
48_F  CATCAGCTAT GTGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGGTG AGAGATTAAA
36_F  CATCAGCTAT GTGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGGTG AGAGATTAAA
37_F  CATCAGCTAT GTGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGGTG AGAGATTAAA
58_F  CATCAGCTAT GTGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGGTG AGAGATTAAA
Clust *****   *****   *****   *****   *****   *****   *****

```

Multiple Alignment:

	10	20	30	40	50	60	70
A1_F	TGGA	ACTTAT	TTTACATTC	CCATTAGTAT	TTTGTATAGG	TGGATTGAT	GGTG
A3_F	NNGGAATAAA	TTTTTCCTT-	CCATTAGTAT	TTTGTATAGG	TGGATTGAT	GGTG	TAGAAT
A8_F	NN--TACTA	CTTTTCATT-	CCATTAGTAT	TTTGTATAGG	TGGATTGAT	GGTG	TAGAAT
A10F	NNNNNNNTAN	NTNTACATT-	CCATTAGTAT	TTTGTATAGG	TGGATTGAT	GGTG	TAGAAT
A2_F	--NNTNNNA	GTTTACATT-	CCATTAGTAT	TTTGTATAGG	TGGATTGAT	GGTG	TAGAAT
A11F	--NNTANTAG	TGTTACATT-	CCATTAGTAT	TTTGTATAGG	TGGATTGAT	GGTG	TAGAAT
Clus		.*:.*	*****	*****	*****	*****	*****

	80	90	100	110	120	130	140
A1_F	GATGGAATTA	TTAGATATTA	GTCACAATG	CTGGCGTATG	TGTACACCTA	TGCTACCAA	AAAAGCTTAT
A3_F	GATGGAATTA	TTAGATATTA	GTCACAATG	CTGGCGTATG	TGTACACCTA	TGCTACCAA	AAAAGCTTAT
A8_F	GATGGAATTA	TTAGATATTA	GTCACAATG	CTGGCGTATG	TGTACACCTA	TGCTACCAA	AAAAGCTTAT
A10F	GATGGAATTA	TTAGATATTA	GTCACAATG	CTGGCGTATG	TGTACACCTA	TGCTACCAA	AAAAGCTTAT
A2_F	GATGGAATTA	TTAGATATTA	GTCACAATG	CTGGCGTATG	TGTACACCTA	TGCTACCAA	AAAAGCTTAT
A11F	GATGGAATTA	TTAGATATTA	GTCACAATG	CTGGCGTATG	TGTACACCTA	TGCTACCAA	AAAAGCTTAT
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	150	160	170	180	190	200	210
A1_F	TTTGGAAAGTG	CTGTATTGAA	TAATTTCTTA	TACGTTTTTG	GTGGTAATAA	CTATGATTAT	AAGGCTTTAT
A3_F	TTTGGAAAGTG	CTGTATTGAA	TAATTTCTTA	TACGTTTTTG	GTGGTAATAA	CTATGATTAT	AAGGCTTTAT
A8_F	TTTGGAAAGTG	CTGTATTGAA	TAATTTCTTA	TACGTTTTTG	GTGGTAATAA	CTATGATTAT	AAGGCTTTAT
A10F	TTTGGAAAGTG	CTGTATTGAA	TAATTTCTTA	TACGTTTTTG	GTGGTAATAA	CTATGATTAT	AAGGCTTTAT
A2_F	TTTGGAAAGTG	CTGTATTGAA	TAATTTCTTA	TACGTTTTTG	GTGGTAATAA	CTATGATTAT	AAGGCTTTAT
A11F	TTTGGAAAGTG	CTGTATTGAA	TAATTTCTTA	TACGTTTTTG	GTGGTAATAA	CTATGATTAT	AAGGCTTTAT
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	220	230	240	250	260	270	280
A1_F	TTGAAACTGA	GGTGTATGAT	CGTTTTAAGAG	ATGTATGGTA	TGTTTCAAGT	AATTTAAATA	TACCTAGAAG
A3_F	TTGAAACTGA	GGTGTATGAT	CGTTTTAAGAG	ATGTATGGTA	TGTTTCAAGT	AATTTAAATA	TACCTAGAAG
A8_F	TTGAAACTGA	GGTGTATGAT	CGTTTTAAGAG	ATGTATGGTA	TGTTTCAAGT	AATTTAAATA	TACCTAGAAG
A10F	TTGAAACTGA	GGTGTATGAT	CGTTTTAAGAG	ATGTATGGTA	TGTTTCAAGT	AATTTAAATA	TACCTAGAAG
A2_F	TTGAAACTGA	GGTGTATGAT	CGTTTTAAGAG	ATGTATGGTA	TGTTTCAAGT	AATTTAAATA	TACCTAGAAG
A11F	TTGAAACTGA	GGTGTATGAT	CGTTTTAAGAG	ATGTATGGTA	TGTTTCAAGT	AATTTAAATA	TACCTAGAAG
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	290	300	310	320	330	340	350
A1_F	AAATAATTGT	GGTGTTACGT	CAAATGGTAG	AAATTTATTGT	ATTGGGGGAT	ATGATGGCTC	TTCTATTATA
A3_F	AAATAATTGT	GGTGTTACGT	CAAATGGTAG	AAATTTATTGT	ATTGGGGGAT	ATGATGGCTC	TTCTATTATA
A8_F	AAATAATTGT	GGTGTTACGT	CAAATGGTAG	AAATTTATTGT	ATTGGGGGAT	ATGATGGCTC	TTCTATTATA
A10F	AAATAATTGT	GGTGTTACGT	CAAATGGTAG	AAATTTATTGT	ATTGGGGGAT	ATGATGGCTC	TTCTATTATA
A2_F	AAATAATTGT	GGTGTTACGT	CAAATGGTAG	AAATTTATTGT	ATTGGGGGAT	ATGATGGCTC	TTCTATTATA
A11F	AAATAATTGT	GGTGTTACGT	CAAATGGTAG	AAATTTATTGT	ATTGGGGGAT	ATGATGGCTC	TTCTATTATA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	360	370	380	390	400	410	420
A1_F	CCGAATGTAG	AAGCATATGA	TCATCGTATG	AAAGCATGGG	TAGAGGTGGC	ACCTTTGAAT	ACCCCTAGAT
A3_F	CCGAATGTAG	AAGCATATGA	TCATCGTATG	AAAGCATGGG	TAGAGGTGGC	ACCTTTGAAT	ACCCCTAGAT
A8_F	CCGAATGTAG	AAGCATATGA	TCATCGTATG	AAAGCATGGG	TAGAGGTGGC	ACCTTTGAAT	ACCCCTAGAT
A10F	CCGAATGTAG	AAGCATATGA	TCATCGTATG	AAAGCATGGG	TAGAGGTGGC	ACCTTTGAAT	ACCCCTAGAT
A2_F	CCGAATGTAG	AAGCATATGA	TCATCGTATG	AAAGCATGGG	TAGAGGTGGC	ACCTTTGAAT	ACCCCTAGAT
A11F	CCGAATGTAG	AAGCATATGA	TCATCGTATG	AAAGCATGGG	TAGAGGTGGC	ACCTTTGAAT	ACCCCTAGAT
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	430	440	450	460	470	480	490
A1_F	CATCAGCTAT	GFGTSTTGCT	TTTGATAAATA	AAATTTATGT	CATTGGTGGA	ACTAATGGTG	AGAGATTAAA
A3_F	CATCAGCTAT	GFGTSTTGCT	TTTGATAAATA	AAATTTATGT	CATTGGTGGA	ACTAATGGTG	AGAGATTAAA
A8_F	CATCAGCTAT	GFGTSTTGCT	TTTGATAAATA	AAATTTATGT	CATTGGTGGA	ACTAATGGTG	AGAGATTAAA
A10F	CATCAGCTAT	GFGTSTTGCT	TTTGATAAATA	AAATTTATGT	CATTGGTGGA	ACTAATGGTG	AGAGATTAAA
A2_F	CATCAGCTAT	GFGTSTTGCT	TTTGATAAATA	AAATTTATGT	CATTGGTGGA	ACTAATGGTG	AGAGATTAAA
A11F	CATCAGCTAT	GFGTSTTGCT	TTTGATAAATA	AAATTTATGT	CATTGGTGGA	ACTAATGGTG	AGAGATTAAA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Y493

R539

I543

C580

Multiple Alignment:

	10	20	30	40	50	60	70
B8_F	---NNNTNAT	ACTTTACATT	-CCATTAGTA	TTTTGTATAG	GTGGATTTGA	TGGTGTAGAA	TATTTAAATT
B1_F	---NNNACTA	CTCTTACATT	-CCATTAGTA	TTTTGTATAG	GTGGATTTGA	TGGTGTAGAA	TATTTAAATT
B5_F	NNNNNNNTAN	NNNN-ACATT	-CCATTAGTA	TTTTGTATAG	GTGGATTTGA	TGGTGTAGAA	TATTTAAATT
B4_F	NNNNNNNTAN	NNTTNACNTT	-CCNTTAGTA	TTTTGTATAG	GTGGATTTGA	TGGTGTAGAA	TATTTAAATT
A12F	AAANNAAAAA	ATTTTACATT	CCCATTAGTA	TTTTGTATAG	GTGGATTTGA	TGGTGTAGAA	TATTTAAATT
Clus	** :	. ** **	** *****	*****	*****	*****	*****

	80	90	100	110	120	130	140
B8_F	CGATGGAATT	ATTAGATATT	AGTCAACAAT	GCTGGCGTAT	GTGTACACCT	ATGTCTACCA	AAAAAGCTTA
B1_F	CGATGGAATT	ATTAGATATT	AGTCAACAAT	GCTGGCGTAT	GTGTACACCT	ATGTCTACCA	AAAAAGCTTA
B5_F	CGATGGAATT	ATTAGATATT	AGTCAACAAT	GCTGGCGTAT	GTGTACACCT	ATGTCTACCA	AAAAAGCTTA
B4_F	CGATGGAATT	ATTAGATATT	AGTCAACAAT	GCTGGCGTAT	GTGTACACCT	ATGTCTACCA	AAAAAGCTTA
A12F	CGATGGAATT	ATTAGATATT	AGTCAACAAT	GCTGGCGTAT	GTGTACACCT	ATGTCTACCA	AAAAAGCTTA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	150	160	170	180	190	200	210
B8_F	TTTTGGAAGT	GCTGTATTGA	ATAAATTCTT	ATACGTTTTT	GGTGGTAATA	ACTATGATTA	TAAGGCTTTA
B1_F	TTTTGGAAGT	GCTGTATTGA	ATAAATTCTT	ATACGTTTTT	GGTGGTAATA	ACTATGATTA	TAAGGCTTTA
B5_F	TTTTGGAAGT	GCTGTATTGA	ATAAATTCTT	ATACGTTTTT	GGTGGTAATA	ACTATGATTA	TAAGGCTTTA
B4_F	TTTTGGAAGT	GCTGTATTGA	ATAAATTCTT	ATACGTTTTT	GGTGGTAATA	ACTATGATTA	TAAGGCTTTA
A12F	TTTTGGAAGT	GCTGTATTGA	ATAAATTCTT	ATACGTTTTT	GGTGGTAATA	ACTATGATTA	TAAGGCTTTA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	220	230	240	250	260	270	280
B8_F	TTTGAAACTG	AGGTGTATGA	TCGTTTAAGA	GATGTATGGT	ATGTTTCAAG	TAATTTAAAT	ATACCTAGAA
B1_F	TTTGAAACTG	AGGTGTATGA	TCGTTTAAGA	GATGTATGGT	ATGTTTCAAG	TAATTTAAAT	ATACCTAGAA
B5_F	TTTGAAACTG	AGGTGTATGA	TCGTTTAAGA	GATGTATGGT	ATGTTTCAAG	TAATTTAAAT	ATACCTAGAA
B4_F	TTTGAAACTG	AGGTGTATGA	TCGTTTAAGA	GATGTATGGT	ATGTTTCAAG	TAATTTAAAT	ATACCTAGAA
A12F	TTTGAAACTG	AGGTGTATGA	TCGTTTAAGA	GATGTATGGT	ATGTTTCAAG	TAATTTAAAT	ATACCTAGAA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	290	300	310	320	330	340	350
B8_F	GAAATAATTG	TGGTGTACG	TCAAATGGTA	GAATTTATTG	TATTGGGGGA	TATGATGGCT	CTTCTATTAT
B1_F	GAAATAATTG	TGGTGTACG	TCAAATGGTA	GAATTTATTG	TATTGGGGGA	TATGATGGCT	CTTCTATTAT
B5_F	GAAATAATTG	TGGTGTACG	TCAAATGGTA	GAATTTATTG	TATTGGGGGA	TATGATGGCT	CTTCTATTAT
B4_F	GAAATAATTG	TGGTGTACG	TCAAATGGTA	GAATTTATTG	TATTGGGGGA	TATGATGGCT	CTTCTATTAT
A12F	GAAATAATTG	TGGTGTACG	TCAAATGGTA	GAATTTATTG	TATTGGGGGA	TATGATGGCT	CTTCTATTAT
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	360	370	380	390	400	410	420
B8_F	ACCGAATGTA	GAAGCATATG	ATCATCGTAT	GAAAGCATGG	GTAGAGGTGG	CACCTTTGAA	TACCCCTAGA
B1_F	ACCGAATGTA	GAAGCATATG	ATCATCGTAT	GAAAGCATGG	GTAGAGGTGG	CACCTTTGAA	TACCCCTAGA
B5_F	ACCGAATGTA	GAAGCATATG	ATCATCGTAT	GAAAGCATGG	GTAGAGGTGG	CACCTTTGAA	TACCCCTAGA
B4_F	ACCGAATGTA	GAAGCATATG	ATCATCGTAT	GAAAGCATGG	GTAGAGGTGG	CACCTTTGAA	TACCCCTAGA
A12F	ACCGAATGTA	GAAGCATATG	ATCATCGTAT	GAAAGCATGG	GTAGAGGTGG	CACCTTTGAA	TACCCCTAGA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

	430	440	450	460	470	480	490
B8_F	TCATCAGCTA	TGFGTATTGC	TTTTGATAAT	AAAATTTATG	TCATTGGTGG	AACTAATGGT	GAGAGATTAA
B1_F	TCATCAGCTA	TGFGTATTGC	TTTTGATAAT	AAAATTTATG	TCATTGGTGG	AACTAATGGT	GAGAGATTAA
B5_F	TCATCAGCTA	TGFGTATTGC	TTTTGATAAT	AAAATTTATG	TCATTGGTGG	AACTAATGGT	GAGAGATTAA
B4_F	TCATCAGCTA	TGFGTATTGC	TTTTGATAAT	AAAATTTATG	TCATTGGTGG	AACTAATGGT	GAGAGATTAA
A12F	TCATCAGCTA	TGFGTATTGC	TTTTGATAAT	AAAATTTATG	TCATTGGTGG	AACTAATGGT	GAGAGATTAA
Clus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Y493

R539

I543

C580

Multiple Alignment:

```

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      10      20      30      40      50      60      70
B9_F  --CNNNTGAT AGTCTACATT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTGGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
B14F  -TCGGACTAC TGT-TACATT CCATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTGGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
B10F  NNNNNNNAN TTTTACATT CNATTAGTAT TTTGTATAGG TGGATTGGAT GGTGTAGAAT ATTTAAATTC
Clus  .. * : * ***** * ***** ***** ***** ***** ***** *****

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      80      90      100     110     120     130     140
B9_F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
B14F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
B10F  GATGGAATTA TTAGATATTA GTCAACAATG CTGGCGTATG TGTACACCTA TGTCTACCAA AAAAGCTTAT
Clus  ***** ***** ***** ***** ***** ***** ***** *****

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      150     160     170     180     190     200     210
B9_F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
B14F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
B10F  TTTGGAAGTG CTGTATTGAA TAATTTCTTA TACGTTTTTG GTGGTAATAA CTATGATTAT AAGGCTTTAT
Clus  ***** ***** ***** ***** ***** ***** ***** *****

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      220     230     240     250     260     270     280
B9_F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTAAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTAAATA TACCTAGAAG
B14F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTAAAGAG ATGTATGGTA TGTTC AAGT AATTAAATA TACCTAGAAG
B10F  TTGAAACTGA GGTGTATGAT CGTTTAAAGAG ATGT-----
Clus  ***** ***** ***** ** *

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      290     300     310     320     330     340     350
B9_F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGCTC TTCTATTATA
B14F  AAATAATTGT GGTGTTACGT CAAATGGTAG AATTTATTGT ATTGGGGGAT ATGATGCTC TTCTATTATA
B10F  -----
Clus

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      360     370     380     390     400     410     420
B9_F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
B14F  CCGAATGTAG AAGCATATGA TCATCGTATG AAAGCATGGG TAGAGGTGGC ACCTTTGAAT ACCCCTAGAT
B10F  -----
Clus

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      430     440     450     460     470     480     490
B9_F  CATCAGCTAT GGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGATG AGAGATTAAA
B14F  CATCAGCTAT GGTGTTGCT TTTGATAATA AAATTTATGT CATTGGTGGA ACTAATGATG AGAGATTAAA
B10F  -----
Clus

      ....|....| ...
      500
B9_F  TT-CTATTGA AGN
B14F  TTTCTATTGA ---
B10F  -----
Clus
    
```












