

## BAB V

### KESIMPULAN DAN SARAN

#### 5.1. Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan dan pemaparan pembahasan, dapat disimpulkan bahwa:

1. Analisis terhadap urutan nukleotida daerah HVII D-loop mtDNA menunjukkan bahwa dari 40 data urutan nukleotida terdapat 46 jenis-posisi mutasi, yaitu A263G, A73G, 311.1C, T152C, T195C, T146C, C182T, 310.1C, A189G, G247A, C150T, 316.1C, G185T, C61G, C198T, A93G, A358G, C186A, G143A, A189C, A200G, C325T, C61A, A297G, G316A, C64T, C303 -, T65C, C253T, C61T, C309 -, G228A, C295T, T72C, G185A, T236C, G247 -, T326C, C151T, 303.1C, C64A, T199C, T60C, C61 -, A63G, dan T310C.
2. Mutasi yang memiliki frekuensi tertinggi (lebih dari 50 %) yaitu A263G, A73G, T152C, 311.1C, dan T195C.
3. Mutasi A263G dan A73G merupakan mutasi yang sama dengan mutasi spesifik pada *marker* di NCBI. Mutasi 311.1C dan T152C merupakan mutasi yang telah dipublikasikan di situs Mitomap, dan telah dilaporkan keterkaitannya dengan penyakit DM tipe 2. Mutasi T195C juga telah dipublikasikan di situs Mitomap, namun belum dilaporkan keterkaitannya dengan penyakit DM tipe 2. Mutasi T195C dilaporkan berkaitan dengan *BD-Associated (Bechet Disease-Associated)* atau penyakit Bechet. Karena

frekuensi kemunculannya yang tinggi di hampir setiap urutan nukleotida sampel yang berasal dari penderita DM tipe 2, maka mutasi T195C dapat menjadi kandidat *marker* genetik penyakit Bechet dan/atau penyakit DM tipe 2 di daerah HVII.

## 5.2. Saran

Diabetes Mellitus tipe 2 (DM tipe 2) merupakan penyakit yang diturunkan secara maternal dan dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti pola hidup dan obesitas. Oleh karena itu, kandidat *marker* genetik yang diperoleh dalam penelitian ini perlu dianalisis lebih lanjut dengan memperbanyak jumlah sampel penelitian yang ada, sehingga dapat diketahui dengan lebih jelas, jenis-posisi mutasi yang menjadi kandidat *marker* genetik penyakit DM tipe 2.