

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1. Kesimpulan

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, diperoleh urutan nukleotida daerah D-loop mtDNA manusia pada penderita diabetes mellitus tipe 2 yang berbeda-beda. Sampel DM 17 memiliki 530 pb, DM 26 memiliki 871, DM 33 memiliki 846, DM 35 memiliki 744 pb, dan untuk sampel DM 36 memiliki 741 pb. Hasil analisis variasi mutasi pada masing-masing sampel menunjukkan variasi dan jenis mutasi yang beragam. Terdapat 14 mutasi, yang terdiri atas mutasi substitusi basa sitosin menjadi basa timin pada posisi 16108 (C16108T), mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16126 (T16126C), mutasi basa guanin menjadi basa adenin pada posisi 16129 (G16129A), mutasi basa adenin menjadi basa guanin pada posisi 16162 (A16162G), mutasi basa timin menjadi sitosin pada posisi 16172 (T16172C), mutasi basa adenin menjadi guanin pada posisi 16180 (A16180G), mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16189 (T16189C), mutasi basa sitosin menjadi basa timin pada posisi 16223 (C16223T), mutasi basa sitosin menjadi basa timin pada posisi 16295 (C16295T), mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16231 (T16231C), mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16304 (T16304C), mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16311 (T16311C), mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16362 (T16362C), dan mutasi basa timin menjadi basa sitosin pada posisi 16519 (T16519C).

Setelah dilakukan perbandingan antara data primer dan data sekunder individu non-diabetes (normal) terhadap data standar rCRS diperoleh sebanyak 11 macam mutasi, yaitu mutasi C16108T, T16126C, G16129A, A16162G, T16172C, A16180G, T16189C, T16231C, C16295T, T16304C, dan T16159C. Perbandingan data sampel diabetes hasil penelitian dan data sekunder diabetes hasil penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa mutasi G16129A, C16278T dan T16159C merupakan mutasi yang memiliki frekuensi tertinggi. Dari perbandingan ini ditemukan kandidat varian genetik yang diperkirakan memicu terjadinya penyakit diabetes mellitus tipe 2 pada daerah D-loop mtDNA, yaitu mutasi G16129A, T16189C dan T16159C.

5.2. Saran

Diabetes mellitus tipe 2 merupakan penyakit yang diturunkan secara maternal. Oleh sebab itu, kandidat varian genetik yang diperoleh dalam penelitian ini perlu di analisis lebih lanjut dengan memperbanyak jumlah sampel dianalisis serta pemilihan sampel sebisa mungkin berasal dari tiga generasi yang berbeda yang berasal dari satu garis keturunan ibu. Sehingga dapat diketahui marker biologis yang dapat memicu terjadinya diabetes mellitus tipe 2 baik yang disebabkan oleh faktor keturunan maupun faktor lingkungan (obesitas).