BAB VII

KESIMPULAN DAN SARAN

7.1 Kesimpulan

1. Pada penelitian ini diperoleh kemiripan 18 *sequences* sampel pada 9 *strain Mycobacterium tuberculosis* berbeda, yaitu s*train Mycobacterium tuberculosis DNA strain: HN-024* (7 sampel), *Mycobacterium tuberculosis HKBS1* (3 sampel), *Mycobacterium tuberculosis str. Haarlem* (2 sampel), *Mycobacterium tuberculosis strain SCAID 320.0* (1 sampel), *Mycobacterium tuberculosis strain 96121* (1 sampel), *Mycobacterium tuberculosis strain 22103* (1 sampel), *Mycobacterium tuberculosis strain H107* (1 sampel), *Mycobacterium tuberculosis strain 1458* (1 sampel), dan *Mycobacterium tuberculosis F11* (1 sampel).
2. Pada penelitian ini ditemukan adanya mutasi pada 23 gen dan satu mutasi pada region promotor inhA terkait resistensi OAT. Mutasi *katG* S315T (*Isoniazid*) dan *rpoB* S450L (*Rifampicin*) sebagai mutasi yang terbukti kuat berhubungan dengan resistensi OAT. Mutasi *nudC* Q237P sebagai mutasi terbanyak (8 sampel) yang berhubungan dengan resistensi *Isoniazid* dan *Ethionamide*. Diketahui 11 mutasi novel pada 8 gen yang terkait resistensi OAT pada sampel.
3. Sampel pada penelitian ini dapat digolongkan pada 3 filogeni mayor Mtb, yaitu *Indo-Oceanic* (8 sampel), *East Asian/Beijing* (5 sampel), dan *Euro-American* (5 sampel).
4. Dari penelitian ini didapatkan filogeni dari kelompok *Beijing* menunjukkan lebih banyak sampel MDR-TB/RR-TB dibandingkan kelompok *Non-Beijing*.
5. Dari penelitian ini didapatkan kelompok filogeni *Indo-Oceanic* merupakan kelompok *strain* dengan jumlah mutasi terbanyak.
6. Dari penelitian ini didapatkan kelompok filogeni *Indo-Oceanic* merupakan kelompok *strain* dengan jumlah gen bermutasi terbanyak.

7.2 Saran

1. Penelitian menggunakan metode *Whole Genome Sequencing* pada *Mycobacterium tuberculosis* memberikan informasi yang sangat luas pada genom bakteri tersebut, sehingga sangat efektif untuk penelitian epidemiologi molekuler. Namun penelitian WGS tidak cukup efisien untuk dilakukan dalam skala sampel jumlah besar dengan keterlibatan sektoral yang terbatas. Sebuah penelitian *multicenter* dengan jumlah sampel besar dapat membantu memberikan hasil yang lebih ekstensif, namun perlu pertimbangan aspek efisiensi biaya implementasi WGS yang masih tinggi.
2. Merujuk pada ditemukannya beberapa mutasi novel pada penelitian ini, penulis menyarankan untuk melakukan penelitian untuk membandingkan mutasi-mutasi novel tersebut dengan uji sensitivitas terhadap OAT terkait. Hal ini bertujuan untuk membuktikan ada atau tidaknya hubungan mutasi novel tersebut dengan resistensi OAT.

UNIVERSITAS ANDALAS
UNTUK KEDJAJAAN BANGSA