

BAB 6 : KESIMPULAN DAN SARAN

6.1 Kesimpulan

1. Penelitian ini menganalisis 198 sekuens genom SARS-Cov-2 di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020 – 2022 yang bersumber dari Pusat Diagnostik dan Riset Penyakit Infeksi (PDRPI) serta database GISAID. Hasil penelitian mengidentifikasi tiga varian utama : *Unassigned* yang terdeteksi dengan puncak pada bulan Maret 2021; Delta dengan puncak pada Juni 2021; dan Omicron yang mencapai puncak pada juli 2022 diikuti dengan penurunan yang signifikan. Analisis filogenetik menunjukkan keberagaman genetic yang tinggi pada varian – varian SARS-Cov-2 di Provinsi Sumatera Barat. Varian *Unassigned* yang muncul pada awal pandemic berada di cabang awal filogenetik yang menandakan perannya sebagai progenitor varian Delta dan Omicron. Selain itu, varian Omicron menunjukkan diversifikasi subvarian yang lebih tinggi dibandingkan varian Delta.
2. Terdapat hubungan jenis kelamin dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* 0,004.
3. Terdapat hubungan umur dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* 0,046.

4. Terdapat hubungan waktu dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* <0,001.
5. Terdapat hubungan derajat keparahan dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* 0,013.
6. Tidak terdapat hubungan status akhir dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* 0,5.
7. Tidak terdapat hubungan Kabupaten/Kota dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* 0,5.
8. Terdapat hubungan sarana kesehatan dengan varian virus SARS-CoV-2 dari hasil WGS di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020-2022 dengan nilai *p-value* <0,001.

6.2 Saran

1. Bagi Pemerintah

Pemerintah daerah perlu memperkuat sistem pemantauan genetik untuk memastikan deteksi varian baru SARS-CoV-2 secara cepat dan efektif, sehingga respons terhadap dinamika pandemi dapat lebih fleksibel dan tepat sasaran. Berdasarkan analisis varian dalam penelitian ini, kebijakan kesehatan berbasis data dapat diterapkan, seperti penguatan vaksinasi yang disesuaikan dengan varian yang dominan di daerah masing-masing. Selain

itu, hasil penelitian ini dapat dimanfaatkan untuk merencanakan alokasi sumber daya secara lebih efisien, dengan prioritas pada wilayah yang mengalami peningkatan kasus akibat varian tertentu.

2. Bagi Instansi PDRPI

PDRPI dapat memperkuat kolaborasi dengan Lembaga internasional seperti GISAID untuk memperluas database genome SARS-CoV-2 dan memperoleh data yang lebih lengkap dalam memantau mutasi virus. PDRPI dapat mendalami lebih lanjut hubungan genetic dan dampaknya terhadap transmisi serta keparahan infeksi, PDRPI perlu terus mengembangkan kapasitas riset di bidang ini. PDRPI dapat menggunakan hasil analisis filogenetik untuk memberikan edukasi berbasis bukti kepada masyarakat dan tenaga medis mengenai varian yang lebih dominan dan implikasi epidemiologisnya.

3. Bagi Keluarga

Keluarga perlu diberikan informasi yang jelas mengenai pentingnya protocol kesehatan yang ketat, terutama dalam menghadapi varian baru yang mungkin lebih mudah menular untuk menunjukkan gejala yang berbeda. Mengingat tingginya keberagaman genetic varian SARS-CoV-2, keluarga perlu lebih proaktif dalam memantau kesehatan anggota keluarga mereka, terutama yang memiliki risiko tinggi terhadap infeksi.

4. Bagi Masyarakat

Masyarakat perlu mendapatkan penyuluhan yang lebih mendalam mengenai evolusi dan mutasi virus SARS-CoV-2, serta pentingnya tetap waspada terhadap varian baru melalui kampanye kesehatan berbasis bukti.

5. Bagi Perkembangan Ilmu Pengetahuan

Penelitian ini dapat memberikan kontribusi penting dalam pengembangan pengetahuan genetic virus SARS-CoV-2, yang akan sangat berguna untuk menciptakan vaksin dan perawatan yang lebih efektif dimasa depan. Selain itu, penelitian lebih lanjut juga diperlukan untuk memahami faktor-faktor yang menyebabkan mutase cepat pada virus, serta bagaimana adaptasi genetik mempengaruhi penyebaran dan keparahan penyakit. Temuan dari penelitian ini juga dapat diterapkan pada kasus-kasus penyakit infeksi lainnya yang disebabkan oleh virus seperti influenza, dengue, hepatitis, dan HIV, untuk memantau perkembangan varian virus serta mengembangkan strategi pencegahan dan pengobatan yang lebih efektif.

