

BAB 7

PENUTUP

7.1 Kesimpulan

Berdasarkan penelitian yang dilakukan dapat diambil kesimpulan sebagai berikut:

1. Distribusi frekuensi genotipe virus hepatitis B dari isolat klinis yang diperiksa di Laboratorium Pusat Diagnostik dan Riset Penyakit Infeksi Fakultas Kedokteran Universitas Andalas adalah genotipe B (8,57%), C (2,86%), B+C (11,43%), A+B+C (2,46%), B+C+D (11,43%), B+C+E (5,71%), B+D+E (2,46%), A+B+C+D (5,71%), B+C+D+E (8,57%), A+B+C+D+E (2,86%), dan tidak diketahui (37,14%).
2. Pada penelitian ini berhasil mengidentifikasi genotipe dari 22 sampel yang dianalisis yang terdiri dari genotipe tunggal berjumlah 4 (18,18%) dan genotipe campuran berjumlah 18 (81,82%). Komposisi genotipe campuran yang dominan adalah B+C (11,43) dan B+C+D (11,43%).

7.2 Saran

1. Desain primer perlu dilakukan *sequencing* agar primer bisa menempel dengan baik dan sesuai dengan mutasi yang terjadi pada genom HBV.
2. Hasil dari penelitian juga perlu dilanjutkan ke proses *sequencing* untuk mengidentifikasi urutan nukleotida yang tepat dari genom HBV dan mengungkap mutasi pada genom HBV, termasuk mutasi yang terkait dengan resistensi terhadap obat antivirus.