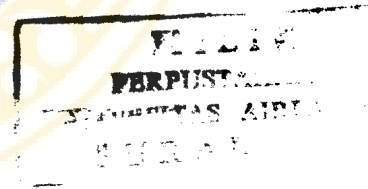


**TESIS**

**ANALISIS GENOTIPE, SUBGENOTIPE DAN SUBTIPE  
VIRUS HEPATITIS B (VHB) PADA GENOM REGIO S (*Surface*)  
DARI PASIEN DENGAN HBsAg POSITIF  
DI KECAMATAN MENGWI, KABUPATEN BADUNG, BALI**



PRA  
102



**MADE AGUS HENDRAYANA  
090810200 M**

**PROGRAM PASCASARJANA  
UNIVERSITAS AIRLANGGA  
SURABAYA  
2010**

**Lembar pengesahan**


**TESIS INI TELAH DISETUJUI  
PADA TANGGAL : .....**

Oleh :  
**Pembimbing Ketua**



Prof. Retno Handajani, dr.,MS.,Ph.D.  
NIP : 130 541 984

**Pembimbing**



Maria Inge Lusida, dr.,M.Kes.,Ph.D.,SpMK  
NIP : 131 569 394

**Mengetahui**

**Program Studi Ilmu Kedokteran Tropis  
Program Pascasarjana Universitas Airlangga Surabaya**



Prof. Dr. Ni Made Mertaniasih, dr.,MS.,Sp.MK  
NIP : 131 406 054

## BAB 7

### PENUTUP

... dengan gejala

... hepatitis di Puskesmas Mengwi I, Badung, Bali dengan kadar HBsAg positif sebanyak 11 dari 75 sampel (14,7%).

2. Hasil identifikasi genotipe VHB semua sampel dengan HBsAg positif, ditemukan hampir semua sampel yaitu 10 dari 11 sampel (90,9%) merupakan genotipe B, sedangkan satu sampel lainnya (9,1%) termasuk dalam genotipe C. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa VHB genotipe B dominan pada pasien dengan HBsAg positif di Puskesmas Mengwi I, Badung, Bali diikuti dengan genotipe C.
3. Hasil identifikasi subgenotipe VHB semua sampel dengan HBsAg positif dari pohon filogenetik mendapatkan tujuh dari 11 sampel (63,6%) merupakan subgenotipe B3, tiga dari 11 sampel (27,3%) termasuk subgenotipe B7, dua dari 11 sampel (18,2%) belum dapat dipastikan subgenotipenya dan satu dari 11 sampel (9,1%) merupakan subgenotipe C1.
4. Hasil analisis subtipe VHB dari semua sampel dengan HBsAg positif didapatkan hampir semua sampel yaitu 10 dari 11 sampel (90,9%) memiliki subtipe VHB *adrw2*, sedangkan satu sampel (9,1%) memiliki subtipe VHB *adrq+*.

## 7.2 Saran

Hasil yang diperoleh dari penelitian ini masih perlu untuk dikembangkan lagi karena adanya beberapa kelemahan dalam penelitian ini. Beberapa kelemahan dalam penelitian ini merupakan akibat adanya keterbatasan-keterbatasan. Keterbatasan tersebut antara lain adalah perlunya dilakukan penelusuran subgenotipe VHB dari sampel pada genom regio lain selain regio S, seperti dari regio *precore/core* ataupun dari genom lengkap VHB sehingga didapatkan analisis subgenotipe yang lebih tepat. Keterbatasan lain adalah perlunya distribusi pengambilan sampel yang lebih luas dan tersebar dari semua wilayah di Mengwi maupun di Kabupaten Badung sehingga didapatkan data yang memang telah mewakili kondisi populasi yang sebenarnya. Semua keterbatasan ini memerlukan penyempurnaan pada penelitian selanjutnya.