

## **BAB V**

### **KESIMPULAN DAN SARAN**

#### **5.1 Kesimpulan**

1. Penelusuran dari *database* kami menemukan terdapat 19.051 SNP pada gen *TLR4*, *ICAM1*, dan *IL22* dan hanya 5 SNPs yang memiliki *clinical variant* terhadap malaria. Kemudian dilakukan analisis *in silico* dengan menggunakan *tools* VEP untuk prediksi SNPs. Diperoleh masih banyak SNPs pada gen *TLR4*, *ICAM1*, dan *IL22* yang memiliki *clinical variant* terhadap malaria.
2. Analisis bentuk visual SNPs yang memiliki *clinical variant* terhadap malaria pada gen *TLR4*, *ICAM1*, dan *IL22* menunjukkan perubahan pada tingkat asam amino tetapi tidak memiliki perubahan bermakna pada tingkat protein terbukti dengan nilai RMSD yang rendah.

#### **5.2 Saran**

1. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk membuktikan varian SNPs yang diprediksi secara *in silico* berpengaruh terhadap klinis malaria.
2. Diperlukan penelitian terhadap SNPs yang lain yang memengaruhi keparahan malaria terutama SNPs dengan frekuensi yang tinggi di asia tenggara.
3. Diperlukan *tools* yang lebih efektif dalam mencari *clinical variant* SNPs yang spesifik terhadap penyakit tertentu.
4. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk menentukan efek dari mutasi di daerah intron terhadap fenotip malaria.