

## **BAB V**

### **KESIMPULAN DAN SARAN**

#### **A. Kesimpulan**

1. Daerah konservatif dari urutan gen *HBx* pada *Hepatitis B Virus* (HBV) berhasil diidentifikasi melalui dua kelompok data sekuen. Pada kelompok data yang terdiri dari gabungan genom lengkap dan parsial, daerah konservatif ditemukan pada nukleotida 1700 – 1820. Sedangkan, pada kelompok data yang hanya terdiri dari sekuen genom lengkap, daerah konservatif terletak pada posisi 1545 – 1720.
2. Sebanyak 10 kandidat pasangan primer spesifik berhasil dirancang untuk amplifikasi gen *HBx* pada *Hepatitis B Virus* (HBV) dengan target daerah konservatif yang diperoleh dari urutan genom lengkap HBV.
3. Analisis struktur sekunder menunjukkan bahwa pasangan primer 1 dan pasangan primer 8 memiliki karakteristik struktur sekunder yang paling stabil.
4. Hasil uji similaritas pasangan primer secara *in silico* menunjukkan bahwa pasangan primer 8 (*forward*: 5'-TGTGCCTCTCATCTGCCG-3', *reverse*: 5'-TATGCCTCAAGGTCGGTCG-3') memiliki spesifisitas tinggi untuk amplifikasi gen *HBx* pada HBV.

#### **B. Saran**

Uji laboratorium perlu dilakukan untuk mengetahui kondisi optimal dari pasangan primer dan memastikan pasangan primer yang telah dirancang secara *in silico* dapat mengamplifikasi gen *HBx* pada HBV dengan baik.