

IDENTIFIKASI MUTASI GEN TRANSCRIPTION FACTOR 7 LIKE 2 (TCF7L2) SNP RS7901695 PADA PENDERITA DIABETES MELITUS TIPE-2 MENGGUNAKAN PCR

Risya Auliya' Putri Azhar¹, Miftahul Mushlih¹

¹*Program Studi Teknologi Laboratorium Medis, Fakultas Ilmu Kesehatan, Universitas Muhammadiyah Sidoarjo, 61215, Indonesia*

Info Artikel

Riwayat Artikel:
Tanggal Dikirim: 25 September 2025
Tanggal Diterima: 30 November 2025
Tanggal Dipublish: 02 Desember 2025

Kata kunci: Diabetes Melitus Tipe-2; TCF7L2; SNP rs7901695; PCR langsung; mutasi genetik

Penulis Korespondensi:

Miftahul Mushlih
Email: mif.mushlih@umsida.ac.id

Abstrak

Latar belakang: Diabetes Melitus Tipe-2 (DMT2) merupakan penyakit metabolik kronis yang dipengaruhi oleh faktor genetik, salah satunya adalah mutasi pada gen TCF7L2, khususnya SNP rs7901695.

Tujuan: untuk mendeteksi mutasi SNP rs7901695 pada penderita DMT2.

Metode: Polymerase Chain Reaction (PCR) secara langsung yang sederhana dan efisien. Sebanyak 30 sampel darah pasien DMT2 dianalisis menggunakan primer spesifik untuk alel T (177 bp) dan alel C (367 bp). Sebagian besar pasien berada pada kelompok usia 50-59 tahun, yang mengindikasikan pentingnya deteksi dini pada usia produktif.

Hasil: elektroforesis menunjukkan 28 sampel (93,3%) memiliki genotipe heterozigot TC dan 2 sampel (6,7%) genotipe homozigot TT, tanpa adanya genotipe CC.

Kesimpulan: PCR langsung dapat digunakan sebagai metode awal yang efektif dan ekonomis dalam identifikasi mutasi genetik DMT2, serta mendukung skrining genetik berbasis populasi untuk pencegahan yang lebih personal.

Jurnal Analis Laboratorium Medik
e-ISSN: 2527-712X
Vol. 10 No 2 Desember, 2025 (Hal 197-206)

Homepage: <https://e-journal.sari-mutiara.ac.id/index.php/ALM>

DOI: <https://doi.org/10.51544/jalm.v10i2.6378>

How To Cite: Azhar, Risya Auliya' Putri, and Miftahul Mushlih. 2025. "Identifikasi Mutasi Gen Transcription Factor 7 Like 2 (TCF7L2) SNP RS7901695 Pada Penderita Diabetes Melitus Tipe-2 Menggunakan PCR." *Jurnal Analis Laboratorium Medik* 10 (2): 197–206. <https://doi.org/https://doi.org/10.51544/jalm.v10i2.6378>.



Copyright © 2025 by the Authors, Published by Program Studi: D3 Analis Kesehatan Fakultas Pendidikan Vokasi Universitas Sari Mutiara Indonesia. This is an open access article under the CC BY-SA Licence ([Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)).

1. Pendahuluan

Berdasarkan data dari International Diabetes Federation (IDF) tahun 2021, Indonesia memiliki sekitar 19,5 juta orang dengan diabetes, yang sebagian besar berusia antara 20 hingga 79 tahun. Hal ini menempatkan Indonesia sebagai negara dengan prevalensi diabetes kelima tertinggi di dunia, dan jumlah ini diproyeksikan akan terus meningkat hingga mencapai sekitar 28,6 juta kasus pada tahun 2045 (Ditjen P2P, 2024). Diabetes Mellitus Tipe 2 (T2DM) terjadi ketika insulin gagal mendorong pengambilan dan transportasi glukosa ke jaringan perifer akibat resistensi insulin; akibatnya, glukosa yang seharusnya diubah menjadi energi justru disimpan sebagai lemak (Lewis, E., & Machrina, Y., 2023).

Diabetes Mellitus Tipe 1 (T1DM) maupun Tipe 2 (T2DM) memiliki predisposisi genetik yang telah diidentifikasi, namun kekuatan komponen genetik pada T1DM cenderung lebih besar dibandingkan T2DM karena perkembangan T2DM juga sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan gaya hidup (Tamarai et al., 2019). Sebagian besar pasien T2DM memiliki setidaknya satu anggota keluarga dengan kondisi serupa; apabila salah satu orang tua menderita T2DM, risiko pada keturunannya meningkat hingga sekitar 40%, sedangkan jika kedua orang tua mengidap penyakit ini, risikonya dapat mencapai 70% (Husein et al., 2023).

Menurut kriteria diagnostik Perkumpulan Endokrinologi Indonesia (PERKENI), diagnosis diabetes ditegakkan apabila kadar glukosa darah puasa melebihi 126 mg/dL atau kadar glukosa darah sewaktu melebihi 200 mg/dL. Kadar glukosa darah bersifat dinamis, meningkat setelah konsumsi makanan dan kembali normal dalam waktu sekitar dua jam, di mana peningkatan kadar glukosa tersebut merangsang sekresi insulin oleh pankreas untuk mencegah hiperglikemia berlebih (Sihombing., 2018). Berdasarkan distribusi menurut jenis kelamin, prevalensi T2DM lebih tinggi pada perempuan (54,2%) dibandingkan laki-laki (45,8%). Peningkatan prevalensi ini dikaitkan dengan komposisi lemak tubuh yang lebih tinggi pada perempuan, yang menurunkan sensitivitas insulin terhadap jaringan otot dan hati, serta dipengaruhi oleh regulasi hormonal terutama oleh estrogen yang berperan dalam metabolisme glukosa dan resistensi insulin (Purba et al., 2020).

Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) sebanyak 152 yang informatif pada 71 gen telah diidentifikasi pada individu dengan T2DM (Farrim et al., 2024). Namun, hanya beberapa yang dianggap sangat signifikan, terutama TCF7L2, KNJ11, HNF4A, CAPN10, dan PPARC, yang sangat terkait dengan T2DM (DeForest et al., 2022). Ada tiga polimorfisme dalam gen TCF7L2—rs34872471, rs7901695, dan rs35198068—yang berhubungan dengan T2DM. Di antara ketiganya, keberadaan alel risiko pada lokus ini diperkirakan dapat meningkatkan kemungkinan berkembangnya T2DM sebesar 1,45 kali (45%) pada pembawa heterozigot dan sebesar 2,41 kali (141%) pada pembawa homozigot, dibandingkan individu tanpa alel risiko (Del Bosque-Plata et al., 2021). SNP rs7901695 pada TCF7L2 dilaporkan memiliki keterkaitan yang sangat kuat dengan T2DM (Benberin et al., 2021).

Sebuah studi oleh Baurer et al. (2021) pada populasi Kaukasia menunjukkan bahwa polimorfisme rs7901695 dalam gen TCF7L2 berhubungan signifikan dengan parameter homeostasis glukosa dan obesitas, yang juga dipengaruhi oleh asupan makronutrien harian. Secara khusus, individu dengan genotipe TT yang mengonsumsi protein tinggi (>18% dari kebutuhan energi harian) menunjukkan kadar HbA1c, HOMA-IR, serta glukosa dan insulin yang lebih tinggi selama OGTT. Temuan ini menyiratkan bahwa interaksi antara genotipe TCF7L2 dan pola makan, terutama asupan protein, dapat berkontribusi terhadap risiko T2DM, terutama pada individu dengan indeks massa tubuh yang lebih tinggi.

Selain itu, meta-analisis oleh Peng et al. (2013) menunjukkan bahwa polimorfisme rs7901695, bersama dengan lima SNP lainnya, berhubungan signifikan dengan peningkatan risiko T2DM. Polimorfisme rs7901695 menunjukkan odds ratio sebesar 1,32 (95% CI: 1,25–1,39), yang mengindikasikan adanya peningkatan risiko yang bermakna. Namun, analisis subkelompok menunjukkan bahwa asosiasi ini tidak selalu konsisten di seluruh kelompok etnis, sehingga diperlukan penelitian lebih lanjut untuk memperjelas peran variasi genetik dalam T2DM di berbagai populasi.

Beberapa metode PCR (Polymerase Chain Reaction) telah dikembangkan untuk deteksi SNP. Real-Time PCR memungkinkan deteksi sekaligus kuantifikasi DNA menggunakan probe fluoresen spesifik urutan, sehingga memberikan metode cepat dan sensitif untuk mengidentifikasi polimorfisme (Wu et al., 2022). Allele-Specific PCR (AS-PCR) dirancang untuk membedakan alel melalui primer yang komplementer dengan urutan alel spesifik; metode ini terbukti efektif mendeteksi SNP rs7901695 dengan akurasi tinggi (Islam et al., 2018). PCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) menggunakan enzim restriksi untuk memotong produk PCR pada lokasi SNP tertentu, menghasilkan fragmen DNA dengan panjang berbeda yang dapat dianalisis melalui elektroforesis. Meskipun lebih kompleks, metode ini menawarkan spesifisitas tinggi untuk identifikasi SNP (Angria, N., & Susanti, S., 2024). Digital PCR (dPCR) merupakan teknik yang lebih baru dengan cara membagi sampel ke dalam ribuan reaksi individu, sehingga memungkinkan kuantifikasi absolut DNA target dengan sensitivitas dan presisi lebih tinggi dibandingkan metode konvensional (Liu et al., 2025). Direct PCR, atau PCR konvensional, adalah teknik amplifikasi DNA yang dilakukan langsung pada sampel tanpa perlu sekuensing. Pendekatan ini dikenal sebagai alat diagnostik cepat yang dapat mendukung diagnosis berbagai kondisi yang memerlukan intervensi klinis segera (Guan et al., 2019).

Motif sekuens SNP rs7901695 adalah sebagai berikut: CAT ATA AAT GGT ATC ATA AAA TCT A[T>C]G GGC TTT TGT GTC TGT CTG CTT TCA (Francaite-Daugeliene et al., 2021). SNP ini terletak pada wilayah intronik di antara ekson 4 dan 5 (Badriyya, E., & Achyar, A., 2023). Studi oleh Badriyya, E., & Achyar, A. (2023) menunjukkan bahwa polimorfisme rs7901695 dalam gen TCF7L2 memiliki asosiasi kuat dengan kejadian T2DM di berbagai populasi, termasuk Asia Selatan dan Amerika Serikat. Polimorfisme ini terjadi pada posisi nukleotida 112.994.329, yang melibatkan substitusi timin (T) menjadi sitosin (C). Penelitian ini berhasil merancang empat primer spesifik yang mampu mengidentifikasi baik alel T maupun C melalui PCR, sehingga memungkinkan deteksi risiko genetik T2DM secara dini. Deteksi dini semacam ini sangat bernilai, khususnya bagi individu dengan riwayat keluarga atau faktor risiko lain, sebagai alat skrining preventif untuk meminimalkan komplikasi diabetes. Primer yang dirancang ini dapat mendeteksi SNP rs7901695 secara langsung dengan PCR tanpa perlu sekuensing, yang relatif mahal. Keunggulan utama dari primer spesifik rs7901695 adalah kemampuannya untuk mengidentifikasi SNP secara langsung hanya melalui PCR, sehingga menjadi alternatif yang praktis dan hemat biaya dibandingkan pendekatan berbasis sekuensing.

2. Metode

2.1 Desain Penelitian

Penelitian ini menggunakan desain deskriptif–eksploratif dengan tujuan mengidentifikasi variasi genetik pada pasien diabetes melitus tipe 2 (DMT2). Desain ini dipilih karena sesuai untuk menggambarkan secara rinci fenomena molekuler yang terjadi tanpa adanya manipulasi variabel.

2.2 Pengaturan dan Sampel

Penelitian dilaksanakan pada bulan Januari 2025. Populasi penelitian adalah pasien dengan riwayat DMT2, sedangkan pengambilan sampel dilakukan dengan teknik purposive sampling. Kriteria inklusi yang digunakan meliputi pasien dengan riwayat DMT2 yang dibuktikan dengan rekam medis, memiliki kadar glukosa ≥ 200 mg/dL, berusia ≥ 20 tahun, baik laki-laki maupun perempuan, serta bersedia berpartisipasi dalam penelitian dengan menandatangani informed consent. Adapun kriteria eksklusi adalah pasien dengan riwayat penyakit kronis lain yang dapat memengaruhi hasil pemeriksaan molekuler. Jumlah sampel ditentukan menggunakan Hukum Roscoe, yang menyatakan bahwa jumlah sampel yang baik untuk penelitian eksperimental berkisar antara 30 hingga 500, dengan jumlah minimum 30 sampel. Oleh karena itu, penelitian ini melibatkan 30 sampel yang dianggap representatif.

2.3 Intervensi

Penelitian ini tidak melibatkan intervensi terhadap subjek karena bersifat deskriptif–eksploratif. Perlakuan hanya berupa pengambilan sampel darah untuk pemeriksaan laboratorium molekuler.

2.4 Pengukuran dan Pengumpulan Data

Pengumpulan data dilakukan melalui pemeriksaan molekuler terhadap sampel darah pasien. Darah vena dikoleksi sebanyak 3 mL dalam tabung EDTA, kemudian disentrifugasi dengan kecepatan 3.500 rpm selama lima menit. Lapisan buffy coat diambil sebanyak 200 μ L dan dimasukkan ke dalam tabung mikro 1,5 mL untuk dilakukan isolasi DNA menggunakan TIANamp Genomic DNA Kit sesuai protokol pabrikan.

Amplifikasi DNA dilakukan dengan teknik PCR menggunakan Bio-Rad T100 Thermal Cycler. Primer yang digunakan meliputi rs7901695-F (5'-ATC CAC ACC CTC TAA CTC CA-3'), rs7901695-R (5'-TTG CTG TGC TGC CTA ACA-3'), primer spesifik alel T rs790169-R(T) (5'-GAC AGA CAC AAA AGC CCA-3'), dan primer spesifik alel C rs790169F(C) (5'-CGC GTG GTA TCA TAA AAT CTA C-3'). Kondisi PCR terdiri atas predenaturasi pada suhu 95 °C selama tiga menit, dilanjutkan dengan 35 siklus yang masing-masing meliputi denaturasi pada suhu 95 °C selama 30 detik, annealing pada suhu 63 °C selama 30 detik, dan elongasi pada suhu 72 °C selama 45 detik. Tahap akhir berupa elongasi pada suhu 72 °C selama lima menit. Produk PCR berupa fragmen DNA dengan ukuran 177 bp untuk alel T dan 367 bp untuk alel C.

Produk PCR kemudian dianalisis melalui elektroforesis menggunakan gel agarosa 1% dalam larutan TBE 1X pada tegangan 100 volt selama 30 menit. Campuran marker terdiri atas 1 μ L loading dye, 3 μ L ddH₂O, dan 2 μ L marker, sedangkan sampel terdiri atas 1 μ L loading dye, 3 μ L DNA, dan 2 μ L ddH₂O. Hasil

elektroforesis divisualisasikan menggunakan UV transilluminator.

2.5 Analisis Data

Data hasil PCR dianalisis secara deskriptif, dengan menilai keberadaan fragmen DNA yang sesuai dengan target ukuran 177 bp dan 367 bp.

2.6 Dapat Dipercaya/Ketelitian

Karena penelitian ini bersifat kuantitatif–eksploratif, aspek kredibilitas, transferabilitas, dependabilitas, dan konfirmabilitas yang umum digunakan dalam penelitian kualitatif tidak diterapkan.

2.7 Pertimbangan Etika

Penelitian ini telah memperoleh persetujuan etik dari Komisi Kelaikan Etik Penelitian dan Kesehatan (KKEPK) Fakultas Kedokteran Gigi Universitas Airlangga Surabaya, dengan nomor 0044/HRECC.FODM/I/2025.

3. Hasil

Pada penelitian ini mutasi SNP rs7901695 pada gen TCF7L2 berhasil diidentifikasi. Amplifikasi PCR dilakukan dengan menggunakan primer spesifik alel: untuk alel T (177 bp), rs7901695-F dan rs7901695-R(T); serta untuk alel C (367 bp), rs7901695-F(C) dan rs7901695-R. Analisis ini melibatkan 30 sampel dari pasien yang sebelumnya telah didiagnosis menderita diabetes melitus tipe 2 (DMT2). Kriteria inklusi mensyaratkan subjek memiliki riwayat DMT2 yang terdokumentasi melalui rekam medis, kadar glukosa darah puasa atau sewaktu ≥ 200 mg/dL, berusia ≥ 20 tahun, dan berjenis kelamin laki-laki maupun perempuan. Distribusi usia menekankan pentingnya skrining dini pada usia produktif, khususnya pada individu dengan riwayat keluarga DMT2 atau tanda klinis awal seperti hiperglikemia. Deteksi mutasi genetik seperti SNP rs7901695 pada tahap ini berpotensi menjadi peringatan dini terhadap peningkatan risiko berkembangnya DMT2 yang lebih berat (Yuniastuti et al., 2019). Tabel 1 merangkum distribusi usia pasien:

Tabel 1. Distribusi Jenis Kelamin Berdasarkan Rentang Usia pada Pasien DMT2 Pada tahun 2025

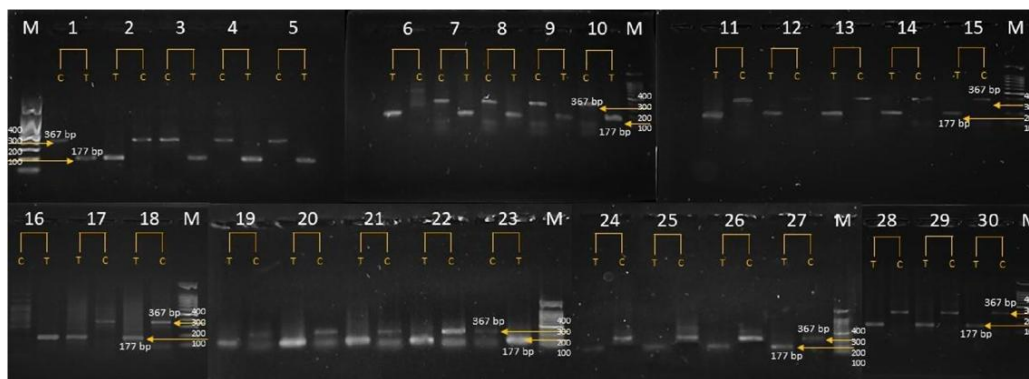
Rentang Usia (Tahun)	Jumlah Laki-laki (n)	Jumlah Perempuan (n)	Jumlah Total (n)	Presentase Total (%)
40–49	3	4	7	23.3%
50–59	6	6	12	40.0%
60–69	3	5	8	26.7%
70–79	1	2	3	10.0%
Total	13	17	30	100.0%

Sumber: Dokumentasi Pribadi

Hasil distribusi pasien berdasarkan rentang usia dan jenis kelamin ditunjukkan pada Tabel 1. menunjukkan bahwa pasien Diabetes Melitus Tipe-2 (DMT2) dalam penelitian ini tersebar dalam rentang usia 41 hingga 73 tahun, dengan jumlah terbanyak berada pada kelompok usia 50–59 tahun sebanyak 12 orang (40%). Berdasarkan hasil amplifikasi gen TCF7L2 menggunakan PCR secara langsung untuk mendeteksi SNP rs7901695 divisualisasikan pada Gambar 1. terdapat tanda lingkaran berwarna merah pada nomor 2 dan 16 yang menunjukkan dari 30 sample terdapat dua sampel yang

menunjukkan satu pita DNA berukuran 177 bp yang mengindikasikan genotipe homozigot TT. Sementara itu, 28 sampel lainnya menunjukkan dua pita DNA, masing-masing pada 177 bp dan 367 bp, yang merupakan ciri khas genotipe heterozigot TC. Tidak ditemukan sampel dengan genotipe homozigot CC, yang ditandai dengan pita tunggal berukuran 367 bp.

Gambar.1 Hasil elektroforesis PCR untuk SNP rs7901695 pada 30 sampel pasien DMT2. Keterangan: M = Marker. Panah kuning menunjukkan pita target untuk identifikasi alel T (177 bp) dan alel C (367 bp).



Sumber: Dokumentasi Penulis

Sebagai tindak lanjut dari hasil elektroforesis, dilakukan penghitungan jumlah sampel berdasarkan pola pita yang muncul, yaitu pita 177 bp (alel T), 367 bp (alel C), atau keduanya (alel T/C). Pengelompokan ini bertujuan untuk melihat kecenderungan genetik yang dimiliki subjek penelitian terkait SNP rs7901695 pada gen TCF7L2. Hasil tersebut disajikan dalam bentuk tabel 2 frekuensi berikut:

Tabel 2. Frekuensi Alel T dan C dari SNP rs7901695 pada gen TCF7L2 pada penderita DMT2 berdasarkan hasil PCR secara langsung

Alel	Frekuensi jumlah kemunculan(n)	Persent (%)
T/T	2	6,7%
C/C	0	0%
T/C	28	93,3%
Total	30	100%

4. Pembahasan

Dari distribusi berdasarkan jenis kelamin, terdapat 13 pasien laki-laki dan 17 pasien perempuan. Hal ini menunjukkan jumlah pasien perempuan sedikit lebih tinggi dibandingkan laki-laki. Meskipun perbedaan tersebut tidak terlalu besar, hasil ini konsisten dengan penelitian yang melaporkan bahwa prevalensi DMT2 pada perempuan meningkat terutama setelah menopause, akibat perubahan hormonal yang memengaruhi metabolisme glukosa (Jeong & Park, 2024). Faktor lain yang turut berkontribusi antara lain gaya hidup sedentari, pola makan tinggi karbohidrat, serta aktivitas fisik yang kurang, yang dapat mempercepat perkembangan resistensi insulin dan pada akhirnya memicu DMT2, khususnya pada kelompok usia produktif 50–59 tahun. Lebih lanjut, penelitian oleh Ma et al. (2025) menunjukkan bahwa individu paruh baya cenderung mengalami peningkatan berat badan dan tekanan darah, keduanya merupakan faktor risiko penting dalam terjadinya DMT2. Temuan ini sejalan dengan temuan sebelumnya yang melaporkan bahwa alel C dari

SNP rs7901695 memiliki hubungan yang kuat dengan peningkatan risiko DMT2, terutama apabila hadir dalam genotipe heterozigot TC (Abuhendi et al., 2019). Lebih lanjut, penelitian oleh Potasso et al. (2020) juga mendukung bahwa individu dengan genotipe TC memiliki risiko metabolik lebih tinggi dibandingkan dengan genotipe TT, meskipun tidak setinggi pada genotipe CC. Tidak ditemukannya genotipe CC dalam penelitian ini kemungkinan disebabkan oleh distribusi alel C yang relatif rendah pada populasi tertentu atau ukuran sampel yang terbatas. Studi berbasis populasi di Asia menunjukkan bahwa frekuensi alel C lebih tinggi pada kelompok etnis di Eropa dan Timur Tengah dibandingkan dengan populasi Asia Tenggara (Ding et al., 2018). Oleh karena itu, diperlukan penelitian lebih lanjut dengan jumlah sampel yang lebih besar dan representatif untuk mengonfirmasi kecenderungan ini.

Secara klinis, keberadaan genotipe TC dan TT dari SNP rs7901695 pada gen TCF7L2 dapat memengaruhi regulasi ekspresi insulin dan sensitivitas jaringan terhadap glukosa. Gen TCF7L2 diketahui berperan dalam jalur sinyal Wnt yang memengaruhi proliferasi dan fungsi sel β pankreas (Chen et al., 2021). Mutasi pada SNP rs7901695 dapat mengubah ekspresi gen dan mengganggu sekresi insulin, yang pada akhirnya meningkatkan risiko berkembangnya DMT2. Dengan demikian, penelitian ini tidak hanya memberikan gambaran distribusi genetik pasien DMT2 di Sidoarjo, tetapi juga menekankan pentingnya pendekatan genetik dalam strategi skrining dan pencegahan penyakit metabolik. Identifikasi genotipe SNP rs7901695 pada pasien berisiko dapat menjadi dasar bagi penerapan *personalized medicine*, khususnya pada populasi dengan dominasi genotipe TC yang mungkin memiliki risiko komplikasi lebih tinggi (Wang et al., 2013).

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa varian alel TC dari SNP rs7901695 pada gen TCF7L2 merupakan yang paling banyak ditemukan pada pasien diabetes melitus tipe 2 (DMT2) di Sidoarjo. SNP rs7901695 diakui sebagai salah satu faktor genetik penting yang berkontribusi terhadap risiko individu dalam mengembangkan DMT2. Penelitian ini menemukan bahwa individu pembawa alel TC memiliki risiko DMT2 lebih tinggi dibandingkan dengan mereka yang tidak memiliki genotipe TT atau CC. Oleh karena itu, penelitian ini membuka peluang untuk mengembangkan strategi pencegahan dan pengobatan DMT2 yang lebih efektif dan presisi dengan memasukkan faktor genetik, khususnya varian SNP rs7901695 pada gen TCF7L2. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan wawasan baru mengenai hubungan antara faktor genetik dan DMT2 di Sidoarjo serta membantu dalam pengembangan solusi yang lebih baik untuk pencegahan dan penatalaksanaan DMT2.

Temuan ini juga mengindikasikan bahwa prevalensi DMT2 cenderung meningkat seiring bertambahnya usia, khususnya setelah usia 45 tahun. Proses penuaan dapat menyebabkan penurunan fungsi sel β pankreas dan peningkatan resistensi insulin, yang merupakan dua mekanisme utama dalam patogenesis DMT2 (Sinclair et al., 2020). Kelompok usia 60–69 tahun menempati urutan kedua dengan 8 pasien (26,7%), sehingga semakin menguatkan bahwa usia lanjut merupakan faktor risiko utama DMT2. Hasil ini sejalan dengan penelitian sebelumnya yang melaporkan bahwa insidensi DMT2 meningkat secara signifikan pada individu berusia di atas 50 tahun, dengan puncaknya pada rentang usia 55–64 tahun. Sementara itu, kelompok usia 40–49 tahun mencakup 7 pasien (23,3%), dan kelompok usia 70–79 tahun terdiri dari 3 pasien (10,0%) (Ali et al., 2024).

5. Kesimpulan

Penelitian ini berhasil mendeteksi mutasi genetik SNP rs7901695 pada gen TCF7L2 menggunakan metode PCR secara langsung pada 30 pasien Diabetes Melitus Tipe-2. Mayoritas pasien memiliki genotipe TC (heterozigot), dua pasien genotipe TT (homozigot), dan tidak ditemukan genotipe CC. Hasil ini menunjukkan bahwa genotipe TC cukup dominan ditemukan pada penderita DMT2 di wilayah Sidoarjo dan kemungkinan berperan dalam risiko penyakit ini.

6. Ucapan Terima Kasih

Peneliti mengucapkan terimakasih kepada semua pihak yang terlibat dalam penyusunan, sehingga terselesaikannya penelitian dengan baik, termasuk kepada Staff Laboratorium Biomol, Responden penelitian, pihak Rumah Sakit Bhayangkara Pusdik Sabhara Porong. Penulis berharap artikel ini dapat bermanfaat bagi penulis dan pembacanya

7. Referensi

1. Ditjen P2P. Saatnya mengatur si manis [Internet]. P2P Kementerian Kesehatan RI; 2024 [cited 2025 Sep 25]. Available from: <https://p2p.kemkes.go.id/saatnya-mengatur-si-manis/>
2. Lewis E, Machrina Y. Polimorfisme gen leptin -2548G > A (Rs7799039) pada penderita diabetes mellitus tipe 2. [Journal name if available]. 2023;9(1):87–93.
3. Tamara K, Bhatti JS, Reddy PH. Molecular and cellular bases of diabetes: Focus on type 2 diabetes mouse model-TallyHo. *Biochim Biophys Acta Mol Basis Dis*. 2019;1865(9):2276–84. <https://doi.org/10.1016/j.bbadis.2019.05.004>
4. Husein WOA, Mushlih M, Rini CS, Hanum GR. Identifikasi mutasi Rs7903146 pada gen Tcf7L2 pada penderita diabetes tipe II di wilayah Sidoarjo. *J Sains Matematika*. 2023;8(1):28–31.
5. Sihombing JR. Analisa kadar HbA1c (hemoglobin glikosilasi) pada penderita diabetes melitus tipe 2 di Rumah Sakit Umum Daerah Deli Serdang Lubuk Pakam. *J Kesehatan Masyarakat dan Lingkungan Hidup*. 2018;3(2):35–40. Universitas Sari Mutiara Indonesia. Available from: [http://e-journal.sari-mutiara.ac.id/index.php/Kesehatan Masyarakat](http://e-journal.sari-mutiara.ac.id/index.php/Kesehatan_Masyarakat)
6. Purba D, Aritonang E, Karim Bu'ulolo EP. Gambaran kadar laju endap darah pada penderita diabetes melitus tipe 2 di Rumah Sakit Umum Bunda Thamrin. *J Analisis Laboratorium Medik*. 2020;5(2):41–46. Universitas Sari Mutiara Indonesia. Available from: <http://e-journal.sari-mutiara.ac.id/index.php/ALM>
7. Farrim MI, Gomes A, Milenkovic D, Menezes R. Gene expression analysis reveals diabetes-related gene signatures. *Hum Genomics*. 2024;18(1). <https://doi.org/10.1186/s40246-024-00582-z>
8. DeForest N, Majithia AR. Genetics of type 2 diabetes: Implications from large-scale studies. *Curr Diab Rep*. 2022. <https://doi.org/10.1007/s11892-022-01462-3>
9. Del Bosque-Plata L, Martínez-Martínez E, Espinoza-Camacho MÁ, Gragnoli C. The role of TCF7L2 in type 2 diabetes. *Diabetes*. 2021;70(6):1220–8. <https://doi.org/10.2337/db20-0573>
10. Benberin VV, Vochshenkova TA, Abildinova GZ, Borovikova AV, Nagimtayeva AA. Polymorphic genetic markers and their association with clinical and metabolic indicators of type 2 diabetes mellitus in the Kazakh population. *J*

- Diabetes Metab Disord. 2021;20(1):131–40. <https://doi.org/10.1007/s40200-020-00720-z>
11. Bauer W, et al. Dietary macronutrient intake may influence the effects of TCF7L2 rs7901695 genetic variants on glucose homeostasis and obesity-related parameters: A cross-sectional population-based study. *Nutrients*. 2021;13(6). <https://doi.org/10.3390/nu13061936>
 12. Peng S, Zhu Y, Lü B, Xu F, Li X, Lai M. TCF7L2 gene polymorphisms and type 2 diabetes risk: A comprehensive and updated meta-analysis involving 121,174 subjects. *Mutagenesis*. 2013;28(1):25–37. <https://doi.org/10.1093/mutage/ges048>
 13. Wu Y, Jiang M, Li S, Waterfield NR, Yang G. Establish an allele-specific real-time PCR for *Leishmania* species identification. *Infect Dis Poverty*. 2022;11(1). <https://doi.org/10.1186/s40249-022-00992-y>
 14. Islam T, Rahman MS, Paul N, Akhteruzzaman S, Sajib AA. Allele-specific detection of SLC22A2 rs316019 variants associated with metformin disposition through the kidney. *Dubai Diabetes Endocrinol J*. 2018;24(1–4):22–8. <https://doi.org/10.1159/000493584>
 15. Angria N, Susanti S. Polimorfisme gen VDR Fok1 in diabetes mellitus patients using PCR-RFLP. *J Nurs Health*. 2024;9(2):259–67.
 16. Liu Q, Jin X, Cheng J, Zhou H, Zhang Y, Dai Y. Advances in the application of molecular diagnostic techniques for the detection of infectious disease pathogens (Review). *Mol Med Rep*. 2023;27(5). <https://doi.org/10.3892/mmr.2023.12991>
 17. Guan F, Jin Y, Zhao J, Ai J, Luo Y. A novel direct PCR lysis buffer can improve PCR from meat matrices. *Food Anal Methods*. 2019;12(1):100–7. <https://doi.org/10.1007/s12161-018-1342-7>
 18. Francaite-Daugeliene M, Lesauskaite V, Tamosiunas A, Jasukaitiene A, Velickienė D. Genetic variants of TCF7L2 gene and its coherence with metabolic parameters in Lithuanian women with previously diagnosed gestational diabetes mellitus compared to general population. *Diabetes Res Clin Pract*. 2021;172. <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2020.108636>
 19. Badriyya E, Achyar A. Polymerase chain reaction (PCR) primer design to identify SNP rs7901695 transcription factor 7 like 2 (TCF7L2). *Bioscience*. 2023;7(1):1. <https://doi.org/10.24036/0202371122575-0-00>
 20. Yuniastuti A, Iswari RS, Susanti R. The correlation between polymorphism of TCF7L2 gene and the incidence of type 2 diabetes in Asian: A meta analysis. *J Phys Conf Ser*. 2019;1321(3):032029. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1321/3/032029>
 21. Sinclair A, Saeedi P, Kaundal A, Karuranga S, Malanda B, Williams R. Diabetes and global ageing among 65–99-year-old adults: Findings from the International Diabetes Federation Diabetes Atlas, 9th edition. *Diabetes Res Clin Pract*. 2020;162. <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2020.108078>
 22. Ali Alhur A, et al. Diabetes in the Kingdom of Saudi Arabia: Prevalence, influencing factors, and associated complications. *Niger Med J*. 2024;65(5):569–80. <https://doi.org/10.60787/nmj.v65i3.543>
 23. Jeong H, Park K. Sex differences in health-related quality of life among older Korean adults with type 2 diabetes mellitus: A cross-sectional study. *Korean J Community Nutr*. 2024;29(4):336–47. <https://doi.org/10.5720/kjcn.2024.00003>
 24. Ma S, Sun Q, Xu Y, Tu Q, Xu S. Identification of risk factors for diabetes in Chinese middle-aged and elderly adults. *Sci Rep*. 2025;15(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-025-95813-1>
 25. Abuhendi N, et al. Genetic polymorphisms associated with type 2 diabetes in the Arab world: A systematic review and meta-analysis. *Diabetes Res Clin Pract*. 2019;151:198–208. <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2019.03.037>
 26. Potasso L, et al. Clinical impact of the TCF7L2 gene rs7903146 type 2 diabetes mellitus risk polymorphism in women with gestational diabetes mellitus: Impaired glycemic

- control and increased need of insulin therapy. *Exp Clin Endocrinol Diabetes*. 2020;128(10):663–6. <https://doi.org/10.1055/a-1008-9223>
27. Ding W, et al. Meta-analysis of association between TCF7L2 polymorphism rs7903146 and type 2 diabetes mellitus. *BMC Med Genet*. 2018;19(1). <https://doi.org/10.1186/s12881-018-0553-5>
 28. Chen J, Ning C, Mu J, Li D, Ma Y, Meng X. Role of Wnt signaling pathways in type 2 diabetes mellitus. *Mol Cell Biochem*. 2021. <https://doi.org/10.1007/s11010-021-04086-5>
 29. Wang J, et al. Association of rs7903146 (IVS3C/T) and rs290487 (IVS3C/T) polymorphisms in TCF7L2 with type 2 diabetes in 9,619 Han Chinese population. *PLoS One*. 2013;8(3):e59053. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0059053>