

Hubungan Riwayat Keluarga dan Konsanguinitas dengan Kejadian Vitiligo di Rumah Sakit Mayapada Tangerang Tahun 2019 - 2024

Nathasya Sirait^{1*},
Sukmawati Tansil Tan¹

¹Fakultas Kedokteran
Universitas Tarumanegara,
Jakarta, Indonesia

Abstrak

Vitiligo merupakan penyakit autoimun yang ditandai dengan hilangnya melanosit, menyebabkan munculnya bercak putih pada kulit. Penelitian bertujuan untuk mengetahui hubungan antara riwayat keluarga dan konsanguinitas orang tua terhadap bentuk klinis vitiligo. Desain penelitian menggunakan pendekatan potong lintang (*cross-sectional*) dan melibatkan 197 pasien vitiligo di RS Mayapada Tangerang tahun 2019–2024. Data diperoleh melalui rekam medis dan kuesioner, lalu dianalisis menggunakan uji *Chi-Square* dan perhitungan *Odds Ratio*. Hasil menunjukkan bahwa bentuk klinis terbanyak adalah tipe vulgaris (33,0%) dan universalis (32,0%). Sebanyak 46,7% responden memiliki riwayat keluarga vitiligo dan 21,8% berasal dari orang tua dengan hubungan kekerabatan. Ditemukan hubungan bermakna antara riwayat keluarga dan bentuk klinis vitiligo ($p=0,042$), serta hubungan sangat bermakna antara konsanguinitas orang tua dan riwayat keluarga vitiligo ($p<0,001$). *Odds Ratio* sebesar 7,241 menunjukkan bahwa konsanguinitas orang tua meningkatkan risiko riwayat vitiligo dalam keluarga secara signifikan. Hasil penelitian mengindikasikan bahwa faktor genetik memiliki kontribusi penting dalam manifestasi klinis vitiligo.

Kata Kunci: bentuk klinis, faktor genetik, konsanguinitas, riwayat keluarga, vitiligo

Association Between Family History and Consanguinity with the Incidence of Vitiligo in Patients at Mayapada Hospital Tangerang, 2019–2024

*Corresponding Author : Nathasya Sirait

Corresponding Email :
nathasya.4052201622@stu.untar.ac.id

Submission date : June 18th, 2025

Revision date : October 23th, 2025

Accepted date : December 5th, 2025

Published date : December 27th, 2025

Copyright (c) 2025 Nathasya Sirait,
Sukmawati Tansil Tan



This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International License

Abstract

Vitiligo is an autoimmune disorder characterized by the loss of melanocytes, leading to the appearance of white patches on the skin. This study aimed to investigate the relationship between family history and parental consanguinity with the clinical manifestations of vitiligo. A cross-sectional descriptive-analytic design was used, involving 197 vitiligo patients at Mayapada Hospital Tangerang from 2019 to 2024. Data were collected through medical records and structured questionnaires, then analyzed using the Chi-Square test and Odds Ratio calculations. The most common clinical types were vulgaris (33.0%) and universalis (32.0%). A total of 46.7% of respondents had a family history of vitiligo, and 21.8% had parents with a consanguineous relationship. A statistically significant association was found between family history and clinical type ($p=0.042$), and a highly significant association between parental consanguinity and family history of vitiligo ($p<0.001$). The Odds Ratio of 7.241 indicated that parental consanguinity considerably increases the risk of vitiligo occurring within families. These findings suggest that genetic factors play a substantial role in the clinical expression of vitiligo.

Keywords: clinical form, consanguinity, family history, genetic factors, vitiligo

Pendahuluan

Vitiligo adalah gangguan kulit yang ditandai hilangnya melanosit secara selektif

sehingga menyebabkan depigmentasi pada area yang terdampak.¹ Lesi vitiligo umumnya berupa makula putih bertepi tegas, tidak

How to Cite

Sirait, N., & Tan, S. T. Association Between Family History and the Incidence of Vitiligo in Patients at Mayapada Hospital Tangerang, 2019–2024. *JMedScientiae*, 2025; 4(3): 282-287. Available from : <https://ejournal.ukrida.ac.id/index.php/ms/article/view/3812> DOI: <https://doi.org/10.36452/jmedscientiae.v4i3.3812>

bersisik, dan dapat mengenai berbagai lokasi tubuh. Kondisi ini diklasifikasikan sebagai penyakit autoimun dengan keterlibatan faktor genetik, stres oksidatif, dan pelepasan sel imun.^{1,2} Vitiligo merupakan penyakit kompleks dengan hereditabilitas tinggi; sekitar 30% penderita melaporkan adanya riwayat keluarga, dan prevalensi meningkat pada keluarga dengan perkawinan sedarah.³

Prevalensi vitiligo bervariasi secara global, berkisar 0,06–2,28% dan menunjukkan perbedaan geografis yang luas.⁴ Di Indonesia, data epidemiologi masih terbatas; salah satu survei di RS Cipto Mangunkusumo menemukan 255 pasien vitiligo selama 2015–2017.⁵ Perempuan dilaporkan lebih sering mencari konsultasi medis, kemungkinan terkait dampak kosmetik dan psikososial yang lebih besar.⁶

Sebagian besar kasus muncul sebelum usia 30 tahun, dengan lebih dari 60% pasien mengalami onset pada usia muda.¹⁰ Selain itu, riwayat keluarga positif dan konsanguinitas orang tua terbukti berperan signifikan dalam risiko vitiligo.¹¹

Secara etiopatogenesis, vitiligo bersifat multifaktorial, melibatkan autoimunitas, stres oksidatif, inflamasi, dan kerentanan genetik.¹² Disfungsi jalur Nrf2–p62 berperan dalam penurunan proteksi melanosit terhadap ROS, sehingga melanosit lebih rentan mengalami kerusakan.¹³ Faktor lingkungan seperti paparan fenol, pewarna rambut, resin, dan stres psikologis juga dapat memicu kerusakan melanosit melalui peningkatan stres oksidatif dan respons inflamasi.¹⁴ Respons imun adaptif turut berperan, terutama melalui aktivitas sel T CD8⁺ sitotoksik dan sitokin proinflamasi seperti IFN- γ , CXCL9, dan CXCL10.^{15–17} CXCL10 dilaporkan meningkat pada pasien vitiligo dan diusulkan sebagai biomarker aktivitas penyakit.¹⁷

Secara klinis, vitiligo terbagi menjadi non-segmental (NSV) dan segmental (SV), dengan variasi lesi berupa akrofasial, mukosa, general, atau universal.^{18–20} Diagnosis umumnya ditegakkan secara klinis dengan bantuan lampu Wood untuk mendeteksi area depigmentasi yang tidak tampak jelas.¹

Faktor genetik terbukti memiliki kontribusi penting dalam patogenesis vitiligo. Sekitar 20% pasien memiliki kerabat dekat dengan vitiligo, dan onset penyakit lebih awal sering ditemukan pada kasus familial dibandingkan sporadis.^{7,8} Oleh karena itu,

penelitian mengenai peran faktor genetik dalam prevalensi vitiligo pada populasi lokal menjadi penting, terutama di Indonesia yang memiliki keragaman etnis dan keterbatasan data epidemiologi.

Hingga saat ini, belum ada penelitian yang mendeskripsikan karakteristik vitiligo familial di RS Mayapada Tangerang. Hal ini menimbulkan gap pengetahuan terkait proporsi vitiligo dengan riwayat keluarga, perbedaan onset, serta karakteristik klinis pada pasien di wilayah tersebut.

Penelitian bertujuan memberikan gambaran mengenai peran riwayat keluarga terhadap vitiligo dan konsekuensinya terhadap manifestasi klinis. Hasil penelitian diharapkan dapat membantu tenaga kesehatan dalam meningkatkan deteksi dini, edukasi pasien, dan pendekatan individual dalam penatalaksanaan vitiligo. Selain itu, temuan dari populasi lokal diharapkan dapat memperkaya literatur mengenai epidemiologi vitiligo dan kontribusi faktor genetik di Indonesia.

Metodologi

Penelitian merupakan studi analitik observasional dengan desain potong lintang (*cross-sectional*) yang bertujuan untuk mengevaluasi hubungan antara riwayat keluarga dan konsanguinitas orang tua dengan kejadian vitiligo. Penelitian dilaksanakan di Rumah Sakit Mayapada Tangerang pada bulan Januari hingga Februari 2024. Populasi target adalah seluruh pasien dengan diagnosis vitiligo di RS Mayapada Tangerang. Populasi terjangkau mencakup pasien vitiligo yang tercatat dalam rekam medis dari tahun 2019 hingga 2024. Sampel dipilih berdasarkan kriteria inklusi dan eksklusi, yaitu pasien dengan diagnosis vitiligo yang dikonfirmasi secara klinis oleh dokter spesialis kulit, bersedia mengikuti penelitian, dan tidak memiliki gangguan kognitif atau kondisi lain yang menghalangi partisipasi. Estimasi besar sampel dihitung menggunakan rumus proporsi dua populasi. Instrumen yang digunakan adalah rekam medis dan kuesioner terstruktur.

Data dikumpulkan melalui analisis rekam medis dan wawancara pasien, baik langsung maupun via telepon, untuk mendapatkan informasi mengenai riwayat keluarga dan hubungan kekerabatan orang tua. Variabel bebas dalam penelitian ini adalah riwayat keluarga dan konsanguinitas orang tua,

sedangkan variabel tergantung adalah bentuk klinis vitiligo.

Data dianalisis menggunakan uji *Chi-Square* dengan tingkat signifikan ditetapkan pada $p < 0,05$. Penelitian telah memperoleh persetujuan etik dari Komite Etik Penelitian Kesehatan Fakultas Kedokteran Universitas Tarumanagara dengan nomor surat 462/KEPK/FK UNTAR/XI/2024.

Hasil

Hasil penelitian disajikan berdasarkan tujuan dan hipotesis, dalam bentuk narasi serta disertai tabel yang mendukung. Seluruh data diambil dari responden berjumlah 197 pasien vitiligo di RS Mayapada Tangerang periode 2019–2024. Analisis dilakukan terhadap karakteristik demografis, bentuk klinis vitiligo, riwayat keluarga, dan konsanguinitas orang tua, dilanjutkan dengan analisis hubungan antar variabel menggunakan uji *Chi-Square*.

Tabel 1. Distribusi Responden Berdasarkan Bentuk Klinis Vitiligo

Bentuk Klinis Vitiligo	Frekuensi (n)	Persentase (%)
Akrofisial	52	26,4
Mukosa	5	2,5
Segmentalis	12	6,1
Universalis	63	32
Vitiligo vulgaris	65	33
Total	197	100

Tabel 2. Analisis risiko antara Konsanguinitas Orang Tua dan Riwayat Vitiligo di Keluarga

		Riwayat Keluarga Vitiligo		p-value	OR
		Tidak	Ada		
Konsanguinitas	Tidak	96	58	0.00	7.241
	Ada	8	35		

Sebagian besar responden mengalami vitiligo vulgaris (33,0%) dan universalis (32,0%), yang termasuk dalam kategori non-segmental. Sisanya terdiri atas bentuk akrofasial (26,4%), segmental (6,1%), dan mukosal (2,5%).

Tabel 3. Hubungan antara Riwayat Keluarga dan Bentuk Klinis Vitiligo

Riwayat Keluarga	Akrofasial	Mukosa	Segmental	Universalis	Vulgaris	Total	p-Value
Kerabat Jauh	9	2	1	6	6	24	0,042
Kerabat Tingkat Kedua	8	3	0	8	11	30	
Kerabat Tingkat Pertama	11	0	1	12	14	38	
Tidak ada	24	0	10	37	34	105	
Total	52	5	12	63	65	197	

Tabel 4. Hubungan antara Konsanguinitas Orang Tua dan Riwayat Keluarga

Konsanguinitas Orang Tua	Riwayat Vitiligo				Total	p-Value
	Kerabat Tingkat Pertama	Kerabat Tingkat Kedua	Kerabat Jauh	Tidak Ada Riwayat		
Sepupu Pertama	6	5	3	3	17	<0,001
Sepupu Kedua	6	2	3	3	14	
Sepupu Ketiga	5	5	0	2	12	
Tidak ada	21	18	18	97	154	
Total	38	30	24	105	197	

Berdasarkan hasil uji *Chi-Square* ($p = 0,000$), terdapat hubungan yang bermakna secara statistik antara konsanguinitas orang tua dan riwayat keluarga vitiligo pada pasien vitiligo di RS Mayapada Tangerang. Analisis risiko menunjukkan bahwa pasien dengan latar

belakang konsanguinitas orang tua memiliki odds sebesar 7,241 kali lebih tinggi untuk memiliki anggota keluarga lain yang juga mengalami vitiligo, dibandingkan pasien tanpa konsanguinitas.

Pembahasan

Penelitian melibatkan 197 responden pasien vitiligo yang menjalani pemeriksaan di Rumah Sakit Mayapada Tangerang selama periode 2019–2024. Karakteristik sampel dianalisis berdasarkan variabel jenis kelamin, usia saat onset vitiligo, bentuk klinis vitiligo, riwayat keluarga, dan konsanguinitas orang tua.

Mayoritas responden adalah perempuan 125 orang (63,5%), sementara laki-laki berjumlah 72 orang (36,5%). Temuan ini sejalan dengan studi yang menyatakan bahwa perempuan cenderung lebih memperhatikan perubahan pigmentasi kulit dan dampaknya terhadap kehidupan sosial, serta lebih aktif dalam mencari pengobatan.⁹ Tingkat partisipasi perempuan yang lebih tinggi mungkin mencerminkan kekhawatiran yang lebih besar terhadap kondisi kulit mereka atau kesadaran yang lebih tinggi terhadap pentingnya perawatan vitiligo dibandingkan laki-laki. Sebagian besar responden (60,9%) mengalami onset vitiligo pada usia dewasa (19–90 tahun), sedangkan 39,1% mengalami onset pada masa anak-anak (1–18 tahun). Temuan ini juga menyatakan bahwa prevalensi vitiligo meningkat seiring bertambahnya usia dalam studi berbasis populasi, dari 0,2% pada kelompok usia 0-19 tahun menjadi 0,7% pada kelompok usia ≥ 60 tahun. Peningkatan ini diduga berkaitan dengan sifat progresif vitiligo sebagai penyakit kronis yang bersifat kumulatif dan umumnya berlangsung seumur hidup.⁹

Tipe klinis vitiligo yang paling umum adalah tipe vulgaris (33,0%) dan universalis (32,0%), diikuti oleh tipe akrofasial (26,4%), segmentalis (6,1%), dan mukosal (2,5%). Temuan ini sejalan dengan penelitian yang menyatakan bahwa tipe universalis dan vulgaris menempati proporsi terbesar pada pasien dengan riwayat konsanguinitas maupun riwayat keluarga vitiligo, masing-masing berkisar antara 25–30%.²² Tipe akrofasial juga ditemukan dalam proporsi yang signifikan (sekitar 20%) pada kedua kelompok dalam studi tersebut, yang konsisten dengan posisi akrofasial sebagai bentuk ketiga terbanyak dalam penelitian ini.²²

Sebanyak 53,3% responden tidak memiliki riwayat keluarga vitiligo, sedangkan 46,7% memiliki riwayat keluarga dengan tingkat kekerabatan bervariasi (kerabat tingkat pertama: 19,3%, tingkat kedua: 15,2%, dan kerabat jauh: 12,2%). Temuan ini sejalan

dengan penelitian yang menyatakan 30-40% kasus vitiligo memiliki riwayat keluarga vitiligo yang menjelaskan studi genetik terbaru di China mengenai lokus HLA-C/HLA-B (rs.9468925) yang berasosiasi dengan vitiligo dan psoriasis, meskipun mekanisme molekuler spesifik yang menghubungkan faktor familial dengan manifestasi klinis masih memerlukan penelitian lebih lanjut.²¹

Sebagian besar responden (78,2%) tidak memiliki hubungan konsanguinitas orang tua, sementara 21,8% memiliki orang tua dengan hubungan kekerabatan (sepupu pertama, kedua, atau ketiga). Temuan ini sejalan dengan studi yang melaporkan bahwa *parental consanguinity*, khususnya antar sepupu pertama, secara bermakna meningkatkan risiko vitiligo onset dini, menekankan pentingnya evaluasi faktor genetik dalam populasi berisiko.²²

Hasil penelitian ini menunjukkan adanya hubungan yang bermakna secara statistik antara tingkat kekerabatan dalam riwayat keluarga vitiligo dan bentuk klinis vitiligo yang dialami pasien ($p=0,042$). Bentuk klinis vitiligo vulgaris dan universalis paling sering ditemukan pada pasien dengan riwayat keluarga tingkat pertama, sedangkan bentuk yang lebih variatif seperti akrofasial dan segmentalis lebih sering dikaitkan dengan kerabat yang lebih jauh. Temuan ini sejalan dengan studi yang meneliti pengaruh pernikahan sepupu pertama terhadap vitiligo onset masa kanak-kanak.²¹ Penelitian tersebut menyatakan bahwa *parental consanguinity*, khususnya hubungan sepupu pertama, secara signifikan berkontribusi terhadap manifestasi klinis vitiligo, terutama tipe vulgaris dan universalis. Studi tersebut juga menemukan bahwa bentuk vitiligo yang lebih terbatas, seperti segmental atau focal, lebih umum pada pasien tanpa riwayat konsanguinitas dekat.²¹

Hasil penelitian menunjukkan adanya hubungan yang bermakna secara statistik antara konsanguinitas orang tua dan riwayat keluarga vitiligo ($p<0,001$). Hal ini sejalan dengan studi sebelumnya yang menyatakan bahwa *parental consanguinity* dan *family history* merupakan dua faktor risiko genetik utama, dan kombinasi keduanya secara sinergis dapat meningkatkan risiko terjadinya vitiligo hingga lebih dari tujuh kali lipat (aOR = 7.58).²²

Penelitian memiliki beberapa keterbatasan. Informasi mengenai riwayat

keluarga dan konsanguinitas diperoleh melalui wawancara, sehingga rentan terhadap recall bias dan potensi misclassification karena tidak adanya verifikasi dokumen keluarga. Selain itu, tidak tersedia data genetika atau silsilah tiga generasi, sehingga pola hereditas tidak dapat dianalisis secara mendalam. Desain potong lintang juga hanya memungkinkan penilaian asosiasi dan tidak dapat menegaskan hubungan sebab-akibat.

Simpulan

Hasil analisis menunjukkan bahwa riwayat keluarga vitiligo memiliki hubungan yang bermakna dengan bentuk klinis vitiligo ($p=0,042$), sementara konsanguinitas orang tua menunjukkan hubungan yang bermakna dengan riwayat keluarga vitiligo ($p<0,001$). Dari 197 pasien yang diteliti, sebanyak 46,7% memiliki riwayat keluarga vitiligo dan 21,8% berasal dari keluarga dengan hubungan kekerabatan dekat.

Daftar Pustaka

- Bergqvist C, Ezzedine K. Vitiligo: A review. *Dermatology*. 2020;236(6):571-92.
- Spritz RA, Andersen GHL. Genetics of vitiligo. *Dermatol Clin*. 2017;35(2):245-55.
- Molla A, Alayoubi A, Jannadi R. First cousin marriages and the risk of childhood-onset vitiligo: Exploring the genetic background: A cross-sectional study. *Clin Cosmet Investig Dermatol*. 2024;17:1471-9.
- Suseno LS, Sukma PMG, Rihatmadja R, Agustin T, Rahmayunita G, Novianto E. Profile of vitiligo patients and distribution of narrowband-UVB therapy at dr. Cipto Mangunkusumo General Hospital. *J Gen Proced Dermatol Venereol Indones*. 2018;3(2):29-33.
- Migayron L, Boniface K, Seneschal J. Vitiligo, from physiopathology to emerging treatments: a review. *Dermatol Ther (Heidelb)*. 2020;10(6):1185-98.
- Sharma VK, Bhari N, Tembhre MK. Vitiligo: definition, incidence, etiology. In: *Melasma and Vitiligo in Brown Skin*. New Delhi: Springer India; 2017. p. 179-89.
- Garg VK, Ghunawat S, Mahajan K. Comprehensive textbook on vitiligo. In: Relhan V, editor. 1st ed. Boca Raton: CRC Press; 2020. 316 p.
- Ezzedine K, Eleftheriadou V, Whitton M, van Geel N. Vitiligo. *Lancet*. 2015 Jul;386(9988):74-84.
- Zhang Y, Cai Y, Shi M, Jiang S, Cui S, Wu Y, *et al*. The prevalence of vitiligo: a meta-analysis. *PLoS One*. 2016;11(9):e0163806.
- Naldi L, Pagani A, Alduini C. Vitiligo: epidemiology and economic impact. *Dermatol Pract Concept*. 2023;13(4S2).
- Alenizi D. Consanguinity pattern and heritability of vitiligo in Arar, Saudi Arabia. *J Family Community Med*. 2014;21(1):13-6.
- Rashighi M, Harris JE. Vitiligo pathogenesis and emerging treatments. *Dermatol Clin*. 2017;35(2):257-65.
- He, Y., Li, S., Zhang, W. *et al*. Dysregulated autophagy increased melanocyte sensitivity to H₂O₂-induced oxidative stress in vitiligo. *Sci Rep*. 2017;7:42394 (2017).
- Moghadam PM, Rasouli SR, Gheybi F, Karimi E, Sahebkar AH. A comprehensive review on present and future of pharmacotherapy of vitiligo disease and potential therapeutic strategies. *Phytomedicine Plus*. 2023;3(2):100437.
- Regazzetti C, Joly F, Marty C, Rivier M, Mehul B, Reiniche P, *et al*. Transcriptional analysis of vitiligo skin reveals alteration of WNT pathway: a promising target for repigmenting vitiligo patients. *J Invest Dermatol*. 2015;135(12):3105-14.
- Rashighi M, Agarwal P, Richmond JM, Harris TH, Dresser K, Su MW, *et al*. CXCL10 is critical for the progression and maintenance of depigmentation in a mouse model of vitiligo. *Sci Transl Med*. 2014;6(223):223ra23.
- Wang XX, Wang QQ, Wu JQ, Jiang M, Chen L, Zhang CF, Xiang LH. Increased expression of CXCR3 and its ligands in patients with vitiligo and CXCL10 as a potential clinical marker for vitiligo. *Br J Dermatol*. 2016;174(6):1318-26.
- Faria AR, Tarle RG, Dellatorre G, Mira MT, Castro CCS de. Vitiligo Part 2: classification, histopathology and treatment. *An Bras Dermatol*. 2014;89(5):784-90.
- Boniface K, Seneschal J, Picardo M, Ta'Veb A. Vitiligo: focus on clinical

- aspects, immunopathogenesis, and therapy. *Clin Rev Allergy Immunol.* 2018;54(1):52-67.
20. Sharquie KE, Salman HA, Yaseen AK. Psoriasis and vitiligo are close relatives. *Clin Cosmet Investig Dermatol.* 2017;10:341-5.
21. Molla A, Alayoubi AM, Jannadi R. First cousin marriages and the risk of childhood-onset vitiligo: exploring the genetic background: a cross-sectional study. *Clin Cosmet Investig Dermatol.* 2024;17:1471-9.
22. Molla A, Jannadi R, Alayoubi A, Domlo H, Alharbi Y, Alrehaili Y. Impact of consanguinity and familial aggregation on vitiligo epidemiology in Saudi Arabia: a case-control study. *Cureus.* 2024;16(7):e63971.