

ABSTRAK

Perbedaan sifat fisik dari setiap populasi dipengaruhi oleh perbedaan tingkat genetiknya. Salah satu materi genetik yang banyak digunakan untuk mempelajari karakteristik individu dalam populasi adalah DNA mitokondria (mtDNA). Di sisi lain, penentuan profil genetik populasi Indonesia, yang memiliki etnis yang beragam, berdasarkan mtDNA belum pernah dilakukan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk menentukan profil genetik daerah HVI mtDNA manusia Indonesia. Pada penelitian ini digunakan 239 sampel, yang berasal dari enam populasi di Indonesia. Sampel yang berupa data sekunder urutan mtDNA diperoleh dengan cara diunduh dari situs NCBI dan dari hasil penelitian tim mtDNA Kimia UPI. Proses analisis sampel dilakukan dengan cara membandingkan dengan urutan standar *Cambridge* (rCRS), pada daerah HVI mtDNA, menggunakan program *SeqmanTM* versi 4.00 DNASTAR. Hasil analisis menunjukkan bahwa mutasi dengan frekuensi tertinggi pada populasi Jawa, Sumatera dan Sulawesi adalah C16223T, sedangkan pada populasi Bali-Nusa Tenggara dan Kalimantan adalah T16189C. Di sisi lain pada populasi Papua, mutasi T16362C merupakan mutasi yang paling banyak muncul. Secara keseluruhan, pada populasi Indonesia terdapat 189 variasi jenis-posisi mutasi, dengan tiga mutasi yang memiliki frekuensi tertinggi yaitu C16223T, T16362C, dan T16189C. Berdasarkan perbandingan ketiga mutasi tersebut dengan marker genetik yang ada di mitomap, diperoleh bahwa ketiganya tidak dapat dikatakan sebagai marker genetik untuk wilayah Indonesia, melainkan Asia.

Kata kunci : Profil Genetik, HVI, mtDNA, Populasi Indonesia

ABSTRACT

Physical traits difference from every population is affected by level of genetic differences. One of genetic matter that mostly used to study individual characteristics within population is mtDNA. On the other hand, determination of genetic profile from Indonesian population, which has diverse ethnicity, has not been done. Therefore, this research aims to determine Indonesian genetic profile on HVI mtDNA. 239 samples which diversified among six population in Indonesia are used in this research in form of secondary data mtDNA sequence. Samples are obtained by downloading it from NCBI website and from the results of UPI's mtDNA chemistry team. Sample is analyzed by comparing it to revised Cambridge Standard sequence (rCRS) on HVI mtDNA using SeqMan version 4.0 DNASTAR. Results shown that highest mutation on Java, Sumatera and Sulawesi population is C16223T, whereas in Bali-Nusa Tenggara and Kalimantan is T16189C. On the other hand, in Papua population, T16362C mutation is the most appear mutation. All in all, Indonesian population contains 189 type-position variants, with three highest mutations C16223T, T16362C and T16189C. Based on those three comparisons with genetic marker within mitomap, three of them cannot be classified as genetic marker for Indonesia, but Asia

Keywords : Genetic profile, HVI, mtDNA, Indonesian Population