

## Polimorfisme sekuens D-Loop DNA mitokondria pada populasi Kodi dan Sumba Timur

Titan Reagan Sjojfan, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179799&lokasi=lokal>

---

### Abstrak

DNA Mitokondria (mtDNA) terdiri dari 16.569 pasang basa (pb), hanya 6x10<sup>-6</sup>% dari seluruh genom manusia, tetapi kontribusi mtDNA dalam pengetahuan terhadap evolusi, sejarah populasi manusia dan variasi genetik antar Individu maupun variasi genetik dalam suatu populasi jauh lebih besar dibanding jumlahnya dalam genom manusia. Hal ini disebabkan karena mtDNA mempunyai beberapa karakteristik khas, seperti kuantitas yang banyak, bersifat haploid (tidak mengalami rekombinasi), dan tingginya laju mutasi dibandingkan DNA inti. Studi terhadap populasi, serta variasi genetik individu dalam populasi biasanya difokuskan pada daerah kontrol mtDNA (D-Loop Region), daerah yang tidak menyandi gen, karena tingginya laju mutasi pada daerah tersebut dibanding daerah lain pada mtDNA, yaitu 5-10 kali lebih tinggi dari daerah lain di mtDNA. Telah berhasil di sekuensing daerah sepanjang 519 pb pada Hipervariabel 1 D-Loop Mitokondria (nt 16101-16569 dan nt 1-50 berdasarkan penomoran sekuens referens Cambridge) pada populasi Kodi dan Sumba Timur dengan 30 individu untuk tiap populasi. Analisis terhadap 60 sampel yang dibandingkan dengan sekuens referens Cambridge menunjukkan bahwa terdapat 55 haplotipe dengan 66 single nucleotide polymorphisms (SNPs). Ditemukan 56 SNPs yang sudah dipublikasikan dan 10 SNPs baru dan belum pernah dipublikasikan. Analisis lanjut terhadap polimorfisme sekuens HVR-1 D-Loop mtDNA dan pohon filogenetik menunjukkan haplotipe yang diperoleh dapat diidentifikasi ke dalam haplogrup utama di Asia; BM (16% Kodi dan 23% Sumba Timur), M (30% Kodi dan 53,3% Sumba Timur), F (26% Kodi dan 10% Sumba Timur), dan motif Polinesia (16,7% Kodi dan 6,7% Sumba Timur) dan 5 haplotipe yang tidak dapat diidentifikasi. Berdasarkan pola percabangan pohon filogenetik dengan metode Neighbor-Joining; sekuens dapat diklasifikasi menjadi tujuh kelompok. Keunikan dari tiap kelompok menerangkan perbedaan garis silsilah nenek moyangnya. SNP yang taramati dimiliki oleh kedua populasi dan tidak ada kecenderungan kelompok dari salah satu populasi. Dari pengamatan ini terlihat bahwa kedua populasi yang dianalisis ternyata bercampur dalam tiap kelompok dalam pohon filogenetik, hal ini menunjukkan bahwa populasi Kodi dan Sumba Timur mempunyai keterkaitan secara genetik yang relatif dekat.