

Profil genetik daerah HIV DNA mitokondria manusia populasi Indonesia

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20436847&lokasi=lokal>

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