

Pemeriksaan Biomolekuler Metilasi DNA untuk Prakiraan Usia pada Kelompok Anak-Anak dan Dewasa = Biomolecular Examination of DNA Methylation for Age Estimation in Children and Adult Groups

Bambang Tri Hartomo, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920532094&lokasi=lokal>

Abstrak

Tesis ini membahas pemeriksaan biomolekuler berbasis epigenetik berupa pemeriksaan metilasi DNA pada gen ELOVL2 dan NPTX2 yang diduga memiliki keterkaitan dengan usia seseorang. Informasi tentang usia seseorang menjadi suatu hal yang krusial dalam bidang forensik karena usia dapat digunakan dalam proses identifikasi forensik ketika terjadi bencana massal, maupun ketika seseorang menjadi korban kejahatan dalam kasus kriminal. Selain itu, usia memiliki manfaat dalam menentukan status seseorang di mata hukum ketika terjadi sengketa pemalsuan usia. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui apakah prakiraan usia kelompok anak-anak dan dewasa pada populasi Indonesia dapat ditentukan melalui pemeriksaan metilasi DNA pada gen target ELOVL2 dan NPTX2 yang diduga memiliki keterkaitan dengan usia. Penelitian ini adalah deskriptif cross sectional yang dilakukan dengan langkah pengambilan sampel DNA dari darah tepi responden yang melakukan medical check up pada sarana kesehatan di RSPAD Gatot Soebroto Jakarta dan RSGMP Unsoed Purwokerto. Darah responden disimpan dalam tabung EDTA kemudian dilakukan sub sampling berupa pemisahan sel darah merah dan sel darah putih dengan metode sentrifugasi agar sampel menjadi lebih stabil dan tidak rusak untuk kemudian dilakukan ekstraksi DNA. Pemeriksaan metilasi DNA dilakukan dengan metode MSP (Methylation Specific PCR) yang didahului dengan konversi bisulfit. Pada penelitian ini didapatkan hasil penelitian yang bermakna antara kelompok usia yang diteliti dengan adanya metilasi gen ELOVL2 dan NPTX2. Kesimpulan yang didapat dari tesis ini adalah prakiraan pada kelompok usia anak-anak pada populasi Indonesia tidak dapat dilakukan menggunakan pemeriksaan metilasi DNA pada gen NPTX2 dan ELOVL2 sedangkan prakiraan usia pada kelompok usia dewasa pada populasi Indonesia dapat ditentukan melalui pemeriksaan metilasi DNA pada gen ELOVL2 dan NPTX2.

.....This thesis discusses epigenetic-based biomolecular examinations in the form of DNA methylation tests on the ELOVL2 and NPTX2 genes that are thought to have a relationship with a person's age. Information about a person's age becomes crucial in the field of forensics because age can be used in the process of forensic identification when a mass disaster occurs, or when a person becomes a crime victim in a criminal case. In addition, age estimation has benefits in determining someone's legal status when a case of age falsification was found. This study aims to determine whether the age estimates of groups of children and adults in the Indonesian population can be determined by examining DNA methylation in the ELOVL2 and NPTX2 target genes that are thought to have a relationship with age. This research is a cross sectional descriptive study conducted by taking DNA samples from the peripheral blood of respondents who do medical checkups at health facilities in the Gatot Soebroto Central Jakarta Hospital and Unsoed Purwokerto General Hospital. The respondent's blood is stored in an EDTA tube then subsampling in the form of separation of red blood cells and white blood cells by centrifugation method so that the sample becomes more stable and undamaged for DNA extraction. DNA methylation examination was carried out using the MSP (Methylation Specific PCR) method, which was preceded by bisulfite conversion. In this study, significant research results were obtained between the age groups studied in the presence of ELOVL2 and

NPTX2 gene methylation The conclusion obtained from this thesis is that the estimates in the age group of children in the Indonesian population cannot be carried out using DNA methylation tests on NPTX2 and ELOVL2 genes while the age estimates in the adult age group in the Indonesian population can be determined through DNA methylation examination on the ELOVL2 and NPTX2 genes.