

VARIASI GENETIK SUKU BATAK YANG TINGGAL DI KOTA DENPASAR DAN KABUPATEN BADUNG BERDASARKAN TIGA LOKUS MIKROSATELIT DNA AUTOSOM

GENETIC VARIATION OF BATAK ETHNIC IN DENPASAR CITY AND BADUNG REGENCY BASED ON THREE LOCI AUTOSOMAL DNA MICROSATELLITES

YOSSY CAROLINA UNADI, INNA NARAYANI, I KETUT JUNITHA*

Jurusan Biologi FMIPA Universitas Udayana

**)Korespondensi, Lab. Genetika Jurusan Biologi FMIPA UNUD*

Kampus Bukit Jimbaran (80361)

Email: junithaketut@yahoo.com

INTISARI

Penelitian tentang variasi genetik menggunakan tiga lokus mikrosatelit DNA D2S1338, D13S317 dan D16S539 dilakukan untuk memperoleh ragam alel pada 76 sampel suku Batak yang tidak berhubungan keluarga yang tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung. Sampel DNA diekstraksi dari darah menggunakan metode fenol-kloroform dan presipitasi etanol. Amplifikasi DNA dilakukan dengan menggunakan metode PCR (SuperMix, Invitrogen). Ditemukan sebanyak 14 alel pada lokus D2S1338, 10 alel pada lokus D13S317 dan 8 alel pada lokus D16S539. Ketiga lokus menunjukkan keragaman genetik yang tinggi baik pada masing-masing lokus maupun pada masing-masing sub-suku Batak dengan keragaman genetik sebesar 0,8637 pada subsuku Batak Toba, 0,7314 pada subsuku Batak Karo dan 0,7692 pada subsuku Batak Simalungun.

Kata kunci : DNA mikrosatelit, Suku Batak, keragaman genetik, frekuensi alel, heterozigositas.

ABSTRACT

Study of genetic variation on three microsatellite DNA loci D2S1338, D13S317 and D16S539 from 76 unrelated individuals of Batak ethnic who live in Denpasar city and Badung regency were analyzed by using PCR method (SuperMix Kit, Invitrogen). DNA samples were extracted from blood cell using phenol-chloroform method and ethanol precipitation. The result of this study found 14 alleles on D2S1338 locus, 10 alleles on D13S317 locus and eight alleles on D16S539 locus. The finding showed high genetic diversity on three loci as well as on three sub-ethnic Batak of Batak Toba, Karo and Simalungun which were 0.8637; 0.7314 and 0.7692 respectively.

Key words : DNA microsatellite, Batak ethnic, genetic variation, allele frequency, heterozygosity.

PENDAHULUAN

Kota Denpasar dan Kabupaten Badung merupakan pusat dari segala aktivitas yang ada di Pulau Bali, seperti pusat pemerintahan, ekonomi, pendidikan, pariwisata dan lainnya. Masyarakat yang tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung, bukan hanya suku Bali, tetapi juga berasal dari berbagai suku, seperti suku Jawa, suku Sunda dan suku Betawi yang berasal dari Pulau Jawa, suku Batak, suku Lampung dan suku Minangkabau yang berasal dari Sumatera. Selain orang Indonesia, orang yang tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung juga berasal dari luar Indonesia, seperti Australia, Belanda, dan Italia. Mereka tinggal di daerah ini dengan berbagai tujuan seperti bekerja, melanjutkan pendidikan maupun sebagai wisatawan.

Meningkatnya tingkat hunian Bali sebagai tujuan wisata dunia juga diikuti oleh meningkatnya aktivitas

lalu lintas yang juga memperbesar peluang terjadinya kecelakaan di jalan raya. Disamping itu peningkatan baik kuantitas maupun kualitas tindak kejahatan yang diikuti oleh tindak mutilasi korbannya menjadi trend kejahatan masa kini. Orang-orang yang berada jauh dari tempat asal atau keluarganya apabila menjadi korban kecelakaan atau pembunuhan cenderung menjadi mayat tidak dikenal. Berdasarkan data Instalansi Forensik Rumah Sakit Pusat Sanglah, setiap tahun kurang lebih 20 jasad korban dikategorikan sebagai Mr/Mrs X. Sampai akhir tahun 2008 masih terdapat sepuluh jasad Mr/Mrs X (Radar Bali, Januari 2009). Pengungkapan identitas korban merupakan hal yang sangat penting dalam penyelesaian suatu kasus dan oleh karena itu identifikasi korban tidak dikenal dapat dilakukan dengan analisis DNA. Pengungkapan identitas korban tak dikenal akan dapat dilakukan lebih cepat bila tersedia database DNA sebagai pembanding.

Mikrosatelit merupakan salah satu tipe polimorfisme dalam bentuk ulangan *tandem base* tertentu yang termasuk ke dalam *Simple Tandem Repeat Polymorphism* (STRP) yang sering juga disebut dengan istilah *Simple Sequence Repeat* (SSR) atau *Short Tandem Repeat* (STR) karena perbedaan di antara molekul-molekul DNA terdapat pada jumlah kopi sekuen DNA pendek yang berulang (Jin *et al.*, 1977). DNA mikrosatelit merupakan penanda molekuler berbasis PCR (*Polymerase Chain Reaction*) yang sangat berguna karena bersifat kodominan, sehingga dapat mendeteksi ragam alel yang ada pada setiap individu. DNA mikrosatelit hanya dijumpai pada organisme eukariot, bersifat spesifik spesies, sehingga kontaminasi mikroorganisme atau bakteri tidak akan menimbulkan kesalahan hasil analisis. Penanda mikrosatelit sangat tepat digunakan untuk digunakan dalam forensik karena memiliki kecepatan mutasi yang relatif tinggi sehingga dapat membedakan baik antar individu maupun kelompok (Bowcock *et al.* 1982; Weber and Wong. 1993).

Mikrosatelit banyak digunakan dalam penelitian keragaman genetik dan kekerabatan antar populasi baik pada manusia maupun pada hewan primata (Easswarkhantha *et al.* 2009, Perwitasari-Farajallah, 2007). Beberapa penelitian telah dilakukan tentang suku bangsa di Indonesia dengan menggunakan penanda mikrosatelit, seperti pada suku Betawi dan Bali. Keragaman suku Betawi secara umum dapat dikelompokkan menjadi dua kelompok besar (Candramila, 2002 dan Yuniawati, 2002). Pada masyarakat Bali terdapat perbedaan genetik diantara kelompok masyarakat Bali Aga dan Tri Wangsa (Junitha, 2004). Penelitian dengan penanda genetik mikrosatelit kromosom Y digunakan untuk memetakan secara genetik soroh Pasek Kayu Selem (Junitha dkk, 2009). Penelitian lainnya juga dilakukan oleh Bowcock *et al.*, (1994) pada 14 suku pribumi dari lima benua, diperoleh hasil bahwa asal mula dari semua suku tersebut adalah Afrika.

Suku Batak merupakan salah satu dari suku bangsa yang tersebar di hampir seluruh wilayah Indonesia termasuk Bali, khususnya Kota Denpasar dan Kabupaten Badung. Suku bangsa ini berasal dari wilayah Sumatra Utara, yang secara mitologi dipercaya sebagai keturunan Si Raja Batak. Suku bangsa Batak terbagi menjadi enam subsuku bangsa, yaitu : Batak Toba, Batak Karo, Batak Angkola, Batak Mandailing, Batak Simalungun dan Batak Pakpak (Anonimus, Departemen Pendidikan dan Kebudayaan, 1985).

Berdasarkan permasalahan di atas, maka penelitian ini dilakukan untuk mengetahui variasi DNA mikrosatelit pada masyarakat suku Batak khususnya yang tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung untuk digunakan dalam penyusunan database DNA etnis-etnis yang ada untuk kepentingan Forensik. Guna keperluan tersebut telah digunakan tiga sub-suku Batak yaitu Batak Toba, Batak Karo dan Batak Simalungun

MATERI DAN METODE

Biodata Probandus

Sebanyak 76 orang laki-laki dan perempuan masyarakat suku Batak yang tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung diambil contoh darahnya. Sebelum dilakukan pengambilan contoh darah, kepada calon probandus dijelaskan terlebih dahulu tentang tujuan, cara, dan manfaat penelitian baik untuk kepentingan ilmu pengetahuan, masyarakat maupun diri calon probandus (*informed consent*). Setiap sampel orang yang bersedia sebagai probandus, memberikan data yang diperlukan dan diambil sampel darahnya. Biodata dicatat pada format biodata probandus yang mencakup silsilah, data pribadi probandus, bapak, dan ibu kandung serta kakek nenek baik dari garis laki-laki (ayah) maupun perempuan (ibu).

Ekstraksi DNA dan Amplifikasi DNA Mikrosatelit

Sel darah diambil dengan menusuk ujung jari dengan jarum merk *accu chek* sekali pakai (*disposable*). Sampel darah langsung dimasukkan ke dalam tabung 1,5 mL diberi buffer lisis dengan komposisi NaCl 10 mM, EDTA 100 mM, Tris-Cl 100 mM dan Urea 4M (Junitha, 2004). Sampel darah selanjutnya diekstraksi menggunakan metode fenol-kloroform dan presipitasi etanol (Sambrook and Russell, 2001) dengan modifikasi (tidak menambahkan proteinase-K, dan tanpa inkubasi 55°C selama 2 jam) DNA hasil ekstraksi diresuspensi pada Tris EDTA (TE) 80% sebanyak 50 µL. DNA diamplifikasi pada mesin PCR (Applied Biosystems 2720 Thermal Cycler) dengan tiga pasang primer yaitu D2S1338 (R: ACCTAGCATGGTACCTGC AG dan F: CCAGTGGATTTGGAAACAGA), D13S317 (R: GCCCAA AAAGAC AGACAGAA dan F: ACAGAAGTCTGGGATGTGGA) dan D16S539 (R: ACG TTTGTGTGTCATCTGT dan F: GATCCCAAGCTCTTCCTCTT). Reaksi PCR terdiri atas DNA *template* sampel 2,0 µL, PCR supermix 9,5 µL (Invitrogen) dan 1 µL primer 12,5 µM (Invitrogen) dengan volume total 12,5 µL. Proses denaturasi dengan suhu 95 °C selama 45 detik, penempelan primer dengan suhu 52-55 °C selama 60 detik dan pemanjangan DNA dengan suhu 72 °C selama 90 detik, amplifikasi dilakukan sebanyak 30 siklus.

Elektroforesis

Hasil amplifikasi (*PCR products*) dielektroforesis pada gel poliakrilamid (PAGE) 6% selama 90 menit dengan tegangan 110 volt dan visualisasi DNA dengan pewarnaan perak nitrat (Tegelström, 1986). Jarak migrasi pita-pita DNA pada gel diukur dan hasil pengukuran dianalogkan pada kertas semilog untuk menetapkan panjang DNA hasil amplifikasi.

Analisis Keragaman Genetik

Keragaman genetik dihitung berdasarkan rumus

(Nei, 1987):

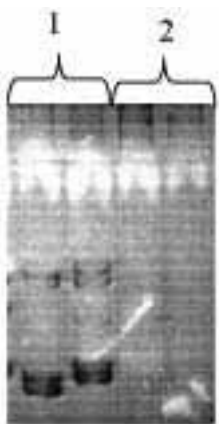
$$h = 1 - \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^m X_{ij}^2$$

- m = Jumlah alel
- h = Heterozigositas
- x = Frekuensi alel
- H = Heterozigositas rata-rata
- L = Jumlah lokus yang digunakan

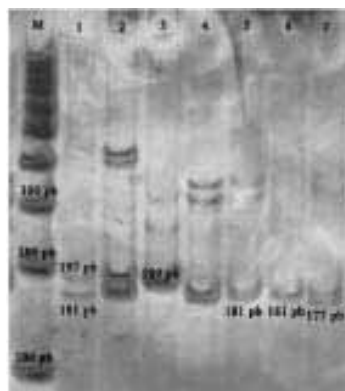
HASIL

Penelitian ini menggunakan 76 orang suku Batak yang terdiri dari 63 orang suku Batak Toba, lima orang Batak Karo dan delapan orang dari Batak Simalungun. Berdasarkan analisis PCR pada tiga lokus kromosom autosom (D2S1338, D13S317, D16S539), terdapat sebanyak 69 sampel dari 76 sampel yang teramplifikasi, sedangkan tujuh sampel lainnya tidak berhasil teramplifikasi (Gambar 1).

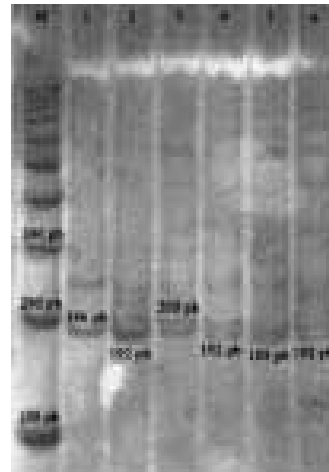
Lima puluh sembilan sampel dari 63 sampel Batak Toba yang berhasil teramplifikasi, sedangkan empat sampel tidak berhasil teramplifikasi. Hasil amplifikasi menghasilkan 14 alel pada lokus D2S1338 dengan alel terpanjang berukuran 209 pb dan alel terpendek adalah 157 pb dengan frekuensi berkisar antara 0,0104 sampai dengan 0,1250 (Gambar 2 dan Tabel 1). Pada lokus D13S317 diperoleh jumlah alel yang lebih sedikit yaitu 10 alel dengan alel terpanjangnya adalah 204 pb dan yang terpendek adalah 168 pb (Gambar 3 dan Tabel 1). Frekuensi alel terendah pada lokus ini adalah 0,0135 dan yang tertinggi adalah 0,2297. Delapan alel ditemukan pada lokus D16S539 dengan alel terpanjang 168 pb dan terpendek adalah 136 pb dengan frekuensi berkisar diantara 0,0274 sampai dengan 0,2192 (Gambar 4 dan Tabel 1). Frekuensi alel pada ke tiga sub-suku Batak, lihat Tabel 1: Sementara nilai heterosigositas ke tiga sub-suku Batak, lihat Tabel 2.



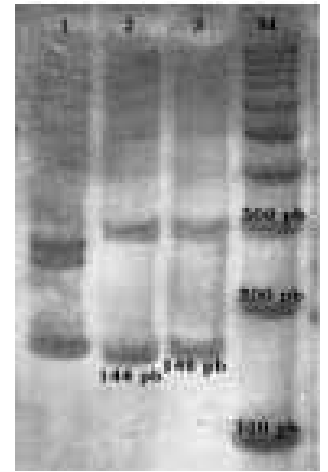
Gambar 1. Visualisasi Contoh Produk PCR (1= Produk PCR yang teramplifikasi, 2= Produk PCR yang tidak teramplifikasi).



Gambar 2. Alel pada Lokus D2S1338 (M= 100 bp DNA ladder; 1-7= Sampel dari sub-suku Batak Toba)



Gambar 3. Alel pada Lokus D13S317 (M = 100 bp DNA ladder; 1-4 = Sampel dari subsuku Batak Toba; 5 = Sampel dari Batak Simalungun; 6 = Sampel dari Batak Karo)



Gambar 4. Alel pada Lokus D16S539 (M=100 bp DNA ladder; 1 dan 2= Sampel sub-suku Batak Toba; 3= Sampel sub-suku Batak Simalungun)

Tabel 1. Frekuensi Alel pada Subsuku Batak Toba, Batak Karo dan Batak Simalungun

Lokus	Alel (pb)	Batak Toba	Batak Karo	Batak Simalungun
D2S1338	209	0,0313	0	0
	205	0,0521	0	0,0909
	201	0,1250	0	0,0909
	197	0,1042	0,1667	0,2727
	193	0,0938	0	0,1818
	189	0,1146	0,1667	0,0909
	185	0,1042	0	0,0909
	181	0,0833	0,1667	0,0909
	177	0,1146	0,3333	0
	173	0,0625	0	0
	169	0,0521	0,1667	0,0909
	165	0,0313	0	0
	161	0,0104	0	0
	157	0,0208	0	0
D13S317	204	0,0135	0	0
	200	0,0541	0	0
	196	0,0405	0	0
	192	0,2297	0,3333	0,1111
	188	0,1351	0	0,2222
	184	0,2027	0,3333	0,1111
	180	0,0676	0	0,1111
	176	0,1486	0,3333	0,1111
	172	0,0405	0	0,2222
	168	0,0676	0	0,1111
D16S539	168	0,0959	0	0
	164	0,0548	0	0
	160	0,1781	0,2500	0
	156	0,1918	0,2500	0
	152	0,2192	0,2500	0,2500
	148	0,0411	0,2500	0,5000
	144	0,1918	0	0,2500
	136	0,0274	0	0

Tabel 2. Nilai Heterozigositas pada Subsuku Batak Toba, Batak Karo dan Batak Simalungun

Lokus	Heterozigositas		
	Batak Toba	Batak Karo	Batak Simalungun
D2S1338	0,9088 ± 0,0055	0,7777 ± 0,0373	0,8430 ± 0,0238
D13S317	0,8503 ± 0,0186	0,6667 ± 0	0,8395 ± 0,0181
D16S539	0,8320 ± 0,0192	0,7500 ± 0	0,6250 ± 0,1082
H	0,8637 ± 0,0144	0,7314 ± 0,0124	0,7692 ± 0,0500

H= Heterosigositas rata-rata

PEMBAHASAN

Pada sub-suku Batak Toba ditemukan jumlah alel paling banyak dibandingkan dua sub-suku Batak lainnya (Table 1). Perbedaan banyaknya jumlah alel yang ditemukan dapat disebabkan karena perbedaan banyaknya sampel yang digunakan. Hal yang sama juga ditemukan pada penelitian yang dilakukan oleh Yuniawati (2002) terhadap dua kelompok populasi suku Betawi yang dibedakan berdasarkan letak geografis hubungan perkawinan orang tua dan nenek kakeknya. Kelompok pada wilayah pertama yang meliputi kelurahan Rawamangun, Kemayoran, Kampung Sawah, Kebon Mangga, Kebon Baru, Cawang, Rawajati, Pengadengan, Doren Tiga, Kalibata, Condet, Pejaten Timur, Pejaten Barat, Setiabudi Tanah Abang, Tebet dan Kebon Kacang memiliki jumlah alel yang lebih banyak dibandingkan dengan kelompok pada wilayah kedua yang meliputi kelurahan Cipulir, Ulujami, Cileduk, Petukangan, Srengseng, Bintaro dan Kebayoran Baru. Hal ini dikarenakan jumlah sampel yang digunakan pada kelompok wilayah pertama lebih banyak, yaitu 32 orang dibandingkan dengan kelompok wilayah kedua yang hanya 16 orang sampel.

Pada sub-suku Batak Karo, dari lima sampel yang diperoleh hanya tiga sampel yang berhasil teramplifikasi. Hasil amplifikasi pada lokus D2S1338 diperoleh lima alel, masing-masing dengan ukuran 197 pb, 189 pb, 181 pb, 177 pb dan 169 pb dan frekuensi antara 0,1667 dan 0,3333 (Tabel 1). Pada lokus D13S317 diperoleh tiga alel, dengan ukuran 192 pb, 184 pb dan 176 pb dan frekuensi masing-masing 0,3333 (Tabel 1). Sementara untuk primer D16S539 terdapat empat alel dengan ukuran 160 pb, 156 pb, 152 pb dan 148 pb dan frekuensi masing-masing 0,25 (Tabel 1). Sedikitnya jumlah alel yang ditemukan pada sub-suku Batak Karo ini disebabkan oleh jumlah sampel yang terlalu sedikit yaitu hanya lima orang. Kejadian serupa juga terjadi pada penelitian primata yang menggunakan hanya delapan sampel orang utan dan hanya diperoleh lima alel (Coote and Bruford, 1996).

Pada sub-suku Batak Simalungun diperoleh delapan alel pada lokus D2S1338, tujuh alel pada lokus D13S317 dan tiga alel pada lokus D16S539 (Tabel 1). Alel terpanjang pada ketiga lokus tersebut secara berurutan adalah 205 pb, 192 pb dan 152 pb, sedangkan alel terpendeknya secara berurutan adalah 165 pb, 178 pb dan 144 pb (Tabel 1). Pada lokus D2S1338 frekuensi alel berkisar antara 0,09 sampai 0,27, lokus D13S317 frekuensinya berkisar antara 0,1111 sampai dengan 0,2222 dan lokus D16S539 frekuensi alel antara 0,25 sampai dengan 0,50 (Tabel 1).

Pada Tabel 1 dapat juga dilihat bahwa pada lokus D2S1338 hanya empat alel yang terdapat pada ketiga subsuku, yaitu 197 pb, 189 pb, 181 pb dan 169 pb dengan frekuensi berkisar diantara 0,0909 sampai dengan 0,1042. Dari keempat alel tersebut diatas alel

197 pb memiliki rata-rata frekuensi tertinggi yaitu sebesar 0,1812. Dengan demikian alel 197 pb tersebut dapat digunakan sebagai ciri umum pada masyarakat suku Batak. Pada lokus D13S317 terdapat tiga alel yang relative sama, yaitu 192 pb, 184 pb dan 176 pb dengan frekuensi masing-masing diantara 0,1111 sampai dengan 0,2297. Frekuensi rata-rata tertinggi dari ketiga alel ini adalah alel pada ukuran 192 pb dan alel dengan rata-rata terendah adalah alel 176 pb. Pada lokus D16S539 terdapat dua alel yang sama yaitu 148 pb dan 152 pb dengan frekuensi masing-masing diantara 0,0411 sampai dengan 0,5000. Dari kedua alel tersebut, alel dengan frekuensi yang tertinggi adalah alel pada ukuran 152 pb. Pola sebaran frekuensi alel serupa, yaitu seperti kurva normal juga ditemukan pada penelitian masyarakat di desa-desa Bali Aga (Junitha, 2004). Alel tengah memiliki nilai frekuensi yang lebih tinggi dibandingkan dengan alel-alel yang mempunyai nilai lebih panjang atau lebih pendek karena alel tengah merupakan alel awal atau alel-alel *founding father* dari suatu masyarakat dan berkembang melalui mutasi bertahap satu unit ulangan menjadi alel-alel lainnya (Brinkmann *et al.* 1998; Gonser *et al.* 2000).

Variasi alel yang tinggi pada sub-suku Batak Toba dapat disebabkan karena jumlah sampel yang digunakan tidak sebanding, yaitu 63 pada sub-suku Batak Toba, lima sampel pada sub-suku Batak Karo dan delapan sampel pada sub-suku Batak Simalungun. Pendapat ini didukung oleh penelitian sebelumnya (Yuniawati, 2002) terhadap dua kelompok suku Betawi. Kelompok pada wilayah yang satu memiliki jumlah alel yang lebih banyak dibandingkan kelompok wilayah lainnya. Hal ini dikarenakan jumlah sampel pada kelompok wilayah yang satu lebih banyak dibandingkan jumlah sampel pada kelompok wilayah lainnya.

Alel-alel yang muncul pada sub-suku Batak Karo dan Batak Simalungun pada penelitian ini muncul juga pada Batak Toba, sedangkan alel yang ada pada Batak Toba tidak semuanya muncul pada Batak Karo ataupun Batak Simalungun (Tabel 1). Hal tersebut menunjukkan bahwa ketiga sub-suku Batak tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang cukup dekat dengan sub-suku Batak Toba sebagai awal mula suku Batak. Suku Batak pada mulanya hanya mendiami daerah Toba yang kemudian sebagian berpencar mencari daerah pemukiman baru karena pertambahan jumlah penduduk dan membentuk subsuku-subsuku baru seperti Simalungun, Karo, Mandailing, Pakpak dan Toba sebagai induknya (Isneini, 2007). Persamaan diantara subsuku-subsuku tersebut disamping berdasarkan data genetik juga dapat dilihat dari kemiripan bahasa, sastra dan aksara (Matanari, 2009).

Pada ketiga lokus tidak semua sampel dapat teramplifikasi, tetapi ada juga sampel yang hanya teramplifikasi pada dua atau bahkan satu lokus saja. Jika sampel tidak hanya teramplifikasi pada satu lokus saja, maka sampel pada lokus yang tidak teramplifikasi mungkin merupakan *null-allele*. Sedangkan jika individu

hanya teramplifikasi pada satu lokus saja, maka pada kedua lokus yang tidak teramplifikasi tidak dapat dikatakan *null-allele* karena tidak munculnya *band* pada saat dilakukan elektroforesis. Hal ini dapat disebabkan karena kesalahan dalam proses PCR. *Null-allele* merupakan suatu keadaan DNA yang tidak berhasil teramplifikasi sehingga tidak diperoleh *band* yang muncul pada gel hasil elektroforesis. *Null-allele* merupakan keadaan yang biasa pada mikrosatelit karena terjadinya seleksi secara alami (Treuren, 1998). Mutasi nukleotida pada sisi *annealing* yang mengapit mikrosatelit merupakan sebab utama kegagalan amplifikasi alel pada saat PCR (Callen *et al.*, 1993; Ishibashi *et al.*, 1996; Treuren, 1998). Selain itu, faktor yang dapat menyebabkan terjadinya *null-allele* adalah kegagalan amplifikasi yang disebabkan karena ketidakstabilan kualitas maupun kuantitas DNA *template* atau dapat juga disebabkan karena *slippage* selama amplifikasi PCR (Gagneux *et al.*, 1997; Shinde, *et al.*, 2003). Perbedaan amplifikasi yang disebabkan karena variasi ukuran alel juga merupakan salah satu sebab terjadinya *null-allele*. Alel yang pendek lebih efektif teramplifikasi dibandingkan dengan alel yang panjang. Hal ini memungkinkan untuk ditemukannya alel pendek saja pada individu yang heterozigot (Dankin and Avise, 2004).

Seperti telah disebutkan sebelumnya bahwa terdapat beberapa sampel yang tidak berhasil teramplifikasi sama sekali (Gambar 1). Ketidakberhasilan tersebut dapat disebabkan karena DNA tidak berhasil terekstraksi. Tidak diperolehnya DNA dapat disebabkan karena jumlah darah yang digunakan terlalu sedikit. Kesalahan pada proses ekstraksi (*human error*) juga merupakan salah satu faktor tidak diperolehnya DNA. Pada saat proses penurunan kadar etanol atau pada saat proses keringangin pellet terbuang karena tidak menempel sempurna pada dasar tabung sehingga larutan buffer TE 80% tidak mengandung DNA. Hal yang sama juga ditemukan pada penelitian yang dilakukan oleh Junitha dan Sudirga (2007) terhadap masyarakat Bali Mula Terungan.

Nilai heterozigositas rata-rata pada masing-masing sub-suku tinggi, yaitu 0,8637 pada sub-suku Batak Toba, 0,7313 pada sub-suku Batak Karo dan 0,7713 pada sub-suku Batak Simalungun. Nilai heterozigositas yang tinggi di atas 0,7 berdasarkan penanda DNA mikrosatelit ditemukan pada kelompok benua Asia (Jorde *et al* 1997). Pada sub-suku Batak Toba jumlah sampel yang digunakan jauh lebih banyak dibandingkan dengan kedua sub-suku lainnya. Banyaknya sampel ini menyebabkan kemungkinan munculnya variasi alel lebih banyak dibandingkan dengan sub-suku Batak lainnya yang memiliki jumlah sampel sedikit. Oleh karena itu, perbedaan nilai heterozigositas ini dapat disebabkan oleh perbedaan jumlah sampel, jumlah *microsatellite marker* yang digunakan dan jumlah alel pada setiap lokus. Hal serupa juga ditemukan pada penelitian yang dilakukan oleh Norris *et al.* (2001) terhadap nyamuk dan Yuniawati

(2002) terhadap suku Betawi.

Dari ketiga *microsatellite marker* yang digunakan pada penelitian ini memberikan nilai heterozigositas yang tinggi yaitu di atas 0,7. Tingginya nilai heterozigositas disebabkan oleh banyaknya jumlah alel yang diperoleh pada masing-masing lokus. Banyaknya jumlah alel dan tingginya nilai heterozigositas masing-masing lokus akan memberi sumbangan pada nilai *power of discrimination* dari kombinasi lokus yang digunakan dalam analisis DNA untuk kepentingan forensik (Butler, 2005). Dengan demikian menunjukkan bahwa ketiga pasangan primer yang diteliti baik digunakan dalam analisis DNA untuk kepentingan forensik pada suku Batak.

SIMPULAN

Dari hasil penelitian yang telah dilakukan terhadap masyarakat suku Batak yang tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung dapat disimpulkan bahwa pada lokus D2S1338 diperoleh 14 alel, 10 alel pada lokus D13S317 dan delapan alel pada lokus D16S539. Suku Batak memiliki nilai heterozigositas tinggi yaitu 0,8637 pada sub-suku Batak Toba, 0,7314 pada sub-suku Batak Karo dan 0,7692 pada sub-suku Batak Simalungun. Alel dengan ukuran 197 pb dapat digunakan sebagai ciri umum pada masyarakat suku Batak.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis menyampaikan terimakasih yang sedalam-dalamnya kepada semua masyarakat Suku Batak di Denpasar dan Badung yang telah membantu dan bersedia sebagai probandus dan kepada Dr. Drh. Nengah Wandia, MSi, yang telah memberkan izin penggunaan alat-alat laboratorium.

KEPUSTAKAAN

- Anonim. 1984. Ungkapan Tradisional Sebagai Sumber Informasi Kebudayaan Daerah Sumatra Barat. Jakarta. Departemen Pendidikan dan Kebudayaan.
- Bowcock, A.M., A. Rulz-Linares, J. Tomforhrde, E. Minch, J.R. Kidd and L.L. Cavalli-Sforza. 1994. High Resolution of Human Evolutionary Trees With Polymorphic Microsatellites. *Nature* 368 : 455-457.
- Brinkmann B., M. Klintschar, F. Neuhuber. J. Hühne and B. Rolf. 1998. Mutation Rate in Human Microsatellites: Influence of the Structure and Length of the Tandem Repeat. *Am J. Hum. Genet.* 62: 1408-1415
- Butler, J. M. 2005. Forensic DNA Typing: Biology, Technology and Genetic of STR. Second edition. Elsevier Academic Press. Amsterdam, New York.
- Callen, D.F., A.D. Thompson, Y. Shen, H. A. Phillips, R. I. Richards, J. C. Mulley, and G. R. Sutherland. 1993. Incidence and Origin of "Null" Alleles in The (AC)_n Microsatellite Markers. *American Journal of Human Genetics* 52 : 922-927.
- Candramila, W. 2002. Variasi Genetik Populasi Betawi Berdasarkan Polimorfisme DNA Mitokondrion. Bogor. Program Pascasarjana Institut Pertanian Bogor. Tesis S2.

Tidak Dipublikasikan.

- Coote, T. and M. W. Bruford. 1996. Human Microsatellites Applicable for Analysis of Genetic Variation in Apes and Old World Monkeys. *The Journal of Heredity* 87(5) : 401-410.
- Dakin, E.E. and J.C. Avise. 2004. Microsatellite Null Alleles in Parentage Analysis. *Heredity* 93 : 504-509.
- Departemen Pendidikan dan Kebudayaan. 1985. Tata Kelakuan di Lingkungan Pergaulan Keluarga dan Masyarakat Setempat Daerah Sumatera Utara. Jakarta. Proyek Inventarisasi dan Dokumentasi Kebudayaan Daerah.
- Easswarkhantha M., T.S. Vasalub, I. Haquea. 2009. Forensic STR Profile Two Endogamus Madhya Pradhes, India. *Legal Medicine*. Januari 11(1):41-44
- Gagneux, P., C. Boesch, and D. S. Woodruff. 1997. Microsatellite Scoring Errors Associated with Noninvasive Genotyping Based on Nuclear DNA Amplified from Shed Hair. *Molecular Ecology* 6: 861-868.
- Gonser R., P. Donnelly, G. Nicholson, and A. Di Rienzo. 2000. Microsatellite Mutation and Inferences About Human Demography. *Genetics*. 154 (4): 1793- 1807.
- Ishibashi, Y., T. Saitoh, S. Abe, M.C. Yoshida. 1996. Null Microsatellite Alleles Due to Nucleotide Sequence Variation in the Greysided Vole *Clethrionomys rufocanus*. *Molecular Ecology* 5: 589-590.
- Isneini, Mohd. 2007. Perjalanan Komerling di Lampung. *Lampung Post Minggu* 23 Desember 2007.
- Jin L., Underhill P.A., Boucristiani M., Robenson J.M. 1997. Defining microsatellite alleles by genotyping global indigenous human population and non human primates. *J. Forensic Sci.* 42: 496-499.
- Jorde L.B., A. R. Rogers, M. Bamshad, W Scott Watkins, P. Krakowiak, S. Sung, J. Kere, and H C. Harpending. 1997. Microsatellite diversity and the demographic history of modern humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 94: 3100-3103
- Junitha, I.K. 2004. Keragaman Genetik Masyarakat di Desa-Desa Bali Aga Berdasarkan Analisis DNA dan Sidik Jari. Bogor. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor. Disertasi S3. Tidak Dipublikasikan.
- Junitha, I.K. dan S.K. Sudirga. 2007. Variasi DNA Mikrosatelit Kromosom Y pada Masyarakat Bali Mula Terunyan. *Hayati Journal of Biosciences* 14(2) : 59-64.
- Matanari, J. 2009. Terbentuknya Sub-suku Batak. Available at : <http://sadamatanari.wordpress.com/Terbentuknya-Sub-suku-Batak>. Opened : 30.12.2009
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York. Columbia University Press.
- Norris, D.E., A.C. Shurtleff, Y.T. Toure, and G.C. Lanzaro. 2001. Microsatellite DNA Polymorphism and Heterozygosity Among Field and Laboratory Populations of *Anopheles gambiae* s.s. (Diptera: Culicidae). *Journal of Medical Entomology* 38(2): 336-340.
- Perwitasari-Farajalah D. 2007. Human Short Tandem Repeat (STR) Markers for Paternity Testing in Pig-Tailed Macaques. *HAYATI Journal of Bioscience*. 14(2): 39_43
- Sambrook, J. and D.W. Russell. 2001. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 3rd edition. New York. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Shinde, D., Y. L. Lai, F. Z. Sun, and N. Arnheim. 2003. Taq DNA Polymerase Slippage Mutation Rates Measured by PCR and Quasi-likelihood Analysis: (CA/GT)(n) and (A/T)(n) Microsatellites. *Nucleic Acids Research* 31: 974-980.
- Tegelström, H. 1986. Mitochondrial DNA in Natural Population: an Improved Routine for Screening of Genetic Variation Based on Sensitive Silver Staining. *Electrophoresis* 7:226-229.
- Treuren, R.V. 1998. Estimating Null Allele Frequencies at a Microsatellite Locus in the Oystercatcher (*Haematopus ostralegus*). *Molecular Ecology* 7 : 1413-1417.
- Weber J. and C. Wong. 1993. Mutation of Human Short Tandem Repeats. *Hum. Mol. Genet.* 2 (8): 1123-1128
- Yuniawati, E. 2002. Analisis Keragaman Genetik Populasi Betawi. Bogor. Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Institut Pertanian Bogor. Skripsi S1. Tidak Dipublikasikan.