

**STRUKTUR GENETIK DAN RAGAM ALEL TIGA GENERASI MASYARAKAT BALI
BERDASAR LIMA LOKUS PENANDA DNA MIKROSATELIT AUTOSOM**

**GENETIC STRUCTURE AND ALLEL DIVERSITY OF THREE BALINESE GENERATIONS
BASED ON FIVE AUTOSOMAL MICROSATELLITE DNA LOCI**

Ayu Saka Laksmita^{1*}, I Ketut Junitha^{1,2}, Ni Luh Watiniasih¹

¹ *Program Studi Magister Biologi, Pogram Pascasarjana, Universitas Udayana, Bali*

² *UPT Serologi dan Molekuler Forensik, Universitas Udayana, Bali*

^{*}*Email: sakalaksmita@rocketmail.com*

INTISARI

Penelitian ini bertujuan untuk menentukan lokus-lokus yang cocok dipakai dalam analisis DNA untuk kepentingan forensik, ragam alel dan frekuensinya, serta ragam alel tiga generasi masyarakat Bali. Sampel dari penelitian ini adalah sel epitel mukosa mulut yang berasal dari 25 keluarga tiga generasi, yang terdiri dari suami, istri, anak, ayah ibu suami, ayah ibu istri. Sampel DNA diekstraksi dengan metode Fenol-Kloroform yang dimodifikasi. DNA diamplifikasi menggunakan lima pasang primer untuk lokus yaitu FGA, D18S51, D2S1338, TPOX, dan D16S539 dengan teknik PCR. Elektroforesis produk PCR dilakukan pada PAGE 10%. Visualisasi DNA dengan metode pewarnaan perak nitrat. Struktur genetik tiga generasi masyarakat Bali menunjukkan adanya 30 ragam alel dengan frekuensi yang berbeda-beda pada masing-masing lokus. Ragam alel paling banyak ditemukan pada lokus FGA, yaitu sebanyak delapan alel, diikuti oleh lokus D18S51 (tujuh alel), lokus TPOX (enam alel), lokus D16S539 (lima alel), dan lokus D2S1338 (empat alel). Nilai heterozigositas dan *Power of Discrimination* tertinggi terdapat pada lokus FGA kemudian diikuti lokus TPOX, lokus D18S51, lokus D2S1338, dan lokus D16S539. Berdasarkan nilai heterozigositas dan *Power of Discrimination* yang didapat pada penelitian menunjukkan bahwa empat dari lima lokus yang digunakan pada penelitian ini baik digunakan dalam analisis DNA untuk kepentingan forensik, kecuali lokus D16S539.

Kata kunci: *Uji Paternitas, DNA Mikrosatelite, tiga generasi, heterozigositas, Power of Discrimination*

ABSTRACT

This research was aimed to find out the genetic structures of three generations of Balinese population, in order to determine the best loci used for paternity testing among this population, and observed the mutation rate of these loci. The DNA samples were taken from the epithelium cell of 25 families which were collected from the children, father, mother, grandfather and grandmother of the children, from both mother and father sides (family with three generations). The DNA was extracted in Phenol-Chloroform method with modifications. DNA amplification was conducted in PCR method using pairs of primer 5, namely: FGA, D18S51, D2S1338, TPOX, and D16S539, and its products were electrophoresed and visualized in 10% of PAGE, stained in silver nitrate. The genetic structures of the three family generations showed 30 variants with different frequencies in each locus. The highest heterozygosity value was detected in FGA (8 alleles), then followed by D18S51 (7 alleles), TPOX (6

alleles), D16S539 (5 alleles), and the lowest was in D2S1338 (4 alleles). The highest value of heterozygosity and Power of Discrimination were found in FGA, followed by TPOX, D18S51, D2S1338, and the lowest was in D16S539. Therefore, it can be concluded that out of five loci tested, 4 of them can be recommended to be used for paternity testing of Balinese population, except D16S539.

Keywords: Paternity Testing, DNA Microsatellite, three generations, heterozygosity, Power of Discrimination

PENDAHULUAN

Fenomena pembuktian kebenaran hubungan antara orang tua dan anak akhir-akhir ini sering terjadi di masyarakat. Hal tersebut dapat dibuktikan melalui tes paternitas yaitu dengan tes DNA, sehingga dapat memberikan bukti yang akurat hubungan biologis antara orang tua dan anak. Tes DNA akan membantu masyarakat untuk menyelesaikan perselisihan yang berkaitan dengan kekerabatan dan melalui proses pengadilannya (Ma *et al.*, 2006). Tes DNA untuk kepentingan forensik umumnya dilakukan menggunakan penanda DNA mikrosatelit yang sering disebut *Simple Sequence Repeats* (SSRs) atau *Short Tandem Repeats* (STRs) (Ellegren, 2004), merupakan suatu metode yang sering digunakan untuk kepentingan identifikasi manusia (Gill *et al.*, 1994). *Short Tandem Repeat* merupakan fragmen DNA yang berisi unit-unit berulang yang terdiri dari dua sampai tujuh nukleotida bergandeng (Butler, 2005).

Berbagai penelitian telah dilakukan tentang keragaman genetik menggunakan penanda DNA mikrosatelit. Misalnya penelitian yang dilakukan oleh Dwitiari (2012) tentang variasi genetik masyarakat Bali Mula di Desa Sembiran, dan Junitha dan Alit (2011) tentang ragam alel mikrosatelit DNA autosom pada masyarakat Bali Aga. Penelitian variasi genetik dengan penanda DNA mikrosatelit penting dilakukan untuk mendapatkan ragam alel dan frekuensinya yang terdapat pada masyarakat sebagai dasar untuk menentukan nilai indeks paternitas (PI) dan *Power of Discrimination* (PD) dari masing-masing lokus yang diperlukan dalam tes DNA (Junitha dan Alit, 2011).

Penanda DNA mikrosatelit memiliki kecepatan mutasi yang tinggi, sehingga

memberikan perbedaan antar individu ataupun kelompok (Weber and Wong, 1993; Unadi dkk., 2010). Untuk lebih menjamin kepastian hasil tes DNA, maka perlu dilakukan penelitian terhadap lokus-lokus yang biasa digunakan untuk tes DNA untuk paternitas diantaranya lokus FGA, D2S1338, D16S539, D18S51, dan lokus TPOX (Dauber, *et al.*, 2003; Geada *et al.*, 2003). Oleh karena itu, kelima lokus tersebut dijadikan obyek dalam penelitian ini pada tiga generasi keluarga masyarakat Bali. Data hasil penelitian ini dapat digunakan sebagai *database* dan menentukan lokus-lokus yang cocok untuk kepentingan forensik terutama pada masyarakat lokal

BAHAN DAN METODE

Probandus diberikan pengarahan dan penjelasan dahulu tentang tujuan penelitian, manfaat penelitian baik bagi diri probandus maupun masyarakat secara umum, dan tata cara pengambilan sampel dari sel-sel epitel mukosa mulut (*informed consent*). Pengambilan sampel dilakukan dengan menggunakan metode *non invasive sampling*, yaitu pengambilan sampel dari calon probandus tanpa menyakiti. Pengambilan sampel dilakukan di seluruh kabupaten yang ada di Bali.

Sampel epitel mukosa mulut probandus diambil dari 25 keluarga. *Cotton bud* steril digosok-gosokkan pada permukaan pipi dalam probandus. Ekstraksi DNA menggunakan metode fenol-kloroform (Sambrook and Russel, 2001). Amplifikasi DNA dengan 5 pasang primer mikrosatelit lokus FGA, D2S1338, D18S51, TPOX, dan lokus D16S539. Amplifikasi dilakukan dengan volume 13 μl yang terdiri atas pereaksi PCR adalah Go-TagTM sebanyak 6,5 μl , 3,5 μl air steril, 1,0 μl primer,

dan 2,0 μ l sampel DNA. Amplifikasi dilakukan dengan suhu pra denaturasi suhu 95°C, lalu denaturasi suhu 95°C, *annealing* pada suhu 52-54°C. Proses polimerisasi DNA dilakukan dengan suhu 72°C kemudian dilakukan pengulangan hingga 30 siklus. Lalu dilakukan pemanjangan terakhir pada suhu 72°C dengan mesin SenscQuest-LabcyclerTM. Hasil amplifikasi dielektroforesis pada gel poliakrilamide (PAGE) 10% pada 160 volt selama 60 menit. Visualisasi DNA amplikon hasil PCR dilakukan dengan metode pewarnaan perak nitrat (Tegelström, 1986). Ukuran DNA sampel ditentukan dengan plot pada kertas semilog, antara jarak migrasi DNA *ladder* untuk menetapkan panjang DNA hasil amplifikasi dalam ukuran *base pair* (*bp*) (Hutscinson, 2001). Struktur genetik ditentukan dengan ukuran ragam alel dan frekuensinya. Jarak migrasi pita DNA pada gel diukur dan

didapatkan hasil pengukuran dalam millimeter, lalu diukur pada kertas semilog plot Hutchinson untuk menetapkan panjang DNA hasil amplifikasi dalam *base pairs* (*bp*). Keragaman genetik dihitung dengan rumus:

$$h = 2n (1 - \sum \frac{f_i^2}{n})/(2n-1) \quad (\text{Nei}, 1987)$$

Kekuatan Pembedanya

$$(PD) = 1 - 2(\sum f_i^2) - \sum f_i$$

f_i = frekuensi alela ke- i (Butler, 2005).

HASIL

Dua puluh lima keluarga telah diambil DNAnya, namun hanya 17 keluarga yang hasilnya memenuhi kriteria tiga generasi di dalam satu keluarga. Ragam alel yang ditemukan dari penelitian ini sebanyak 30 alel dari 127 probandus. Jumlah ragam dan frekuensi alel pada setiap lokus dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Ragam dan frekuensi alel setiap lokus, dan sampel yang teramplifikasi

Lokus	FGA		D18S51		D2S1338		TPOX		D16S539	
	Alel	Frek	Alel	Frek	Alel	Frek	Alel	Frek	Alel	Frek
209	0.0881	308	0.0454	185	0.4957	263	0.057	168	0.0633	
205	0.0396	292	0.3727	181	0.194	255	0.4093	164	0.1013	
201	0.1322	288	0.3864	169	0.125	247	0.1554	156	0.0928	
197	0.185	280	0.0773	165	0.181	239	0.0881	152	0.7257	
193	0.348	272	0.0364			235	0.057	148	0.0169	
185	0.0749	264	0.0455			231	0.2332			
181	0.0176	248	0.0364							
177	0.1145									
Σ Alel	8		7		4		6		5	
Σ Ampl	114		111		116		101		118	

Tabel 2 menunjukkan ragam alel yang ditemukan pada tiap generasi serta frekuensi dari tiap ragam alel tersebut. Nilai heterozigositas dan *Power of Discrimination* pada tiga generasi masyarakat Bali dengan menggunakan lima lokus dapat dilihat pada Tabel 3. Jumlah ragam alel yang ditemukan pada masing-masing generasi di lima lokus

dapat dilihat pada Tabel 4. Berdasarkan tabel tersebut dapat dilihat bahwa jumlah ragam alel yang terdapat pada masing-masing generasi pada tiap-tiap lokus sama, kecuali pada lokus FGA dengan 8 ragam alel pada generasi pertama dan generasi kedua sedangkan pada generasi ketiga ditemukan 6 ragam alel.

Tabel 2. Ragam Alel dan Frekuensinya pada Tiap Generasi

	FGA		D18S51		D2S1338		TPOX		D16S539			
	G	Ragam Alel	F	G	Ragam Alel	F	G	Ragam Alel	F	G	Ragam Alel	F
I	209	0.09	I	308	0.03	I	185	0.50	I	263	0.05	I
	205	0.06									168	0.07
	201	0.12		292	0.38		181	0.18		255	0.40	
	197	0.21		288	0.38		169	0.13		247	0.15	
	193	0.32		280	0.10		165	0.20		239	0.08	
	185	0.06		272	0.03	II	185	0.60		235	0.07	
	181	0.02		264	0.04		181	0.02		231	0.25	II
	177	0.13		248	0.04		169	0.15	II	263	0.06	
	209	0.08	II	308	0.05		165	0.23		255	0.41	
	205	0.03		292	0.39	III	185	0.34		247	0.18	
II	201	0.13		288	0.37		181	0.16		239	0.12	
	197	0.19		280	0.07		169	0.40		235	0.04	III
	193	0.35		272	0.05		165	0.09		231	0.18	
	185	0.09		264	0.05				III	263	0.09	
	181	0.02		248	0.03					255	0.44	
	177	0.11	III	308	0.08					247	0.15	
	209	0.11		292	0.34					239	0.06	
	201	0.20		288	0.45					235	0.03	
	197	0.09		280	0.03					231	0.23	
	193	0.46		272	0.03							
III	185	0.09		264	0.05							
	177	0.06		248	0.03							

Keterangan: G=Generasi; F=Frekuensi

Tabel 3. Nilai Heterozigositas dan *Power of Discrimination*

Lokus	Heterozigositas(h)	Power of Discrimination (PD)
FGA	0.8016 ± 0.0013	0.9009
D18S51	0.7022 ± 0.0009	0.7750
D2S1338	0.6712 ± 0.0008	0.7153
TPOX	0.7434 ± 0.0013	0.8481
D16S539	0.4558 ± 0.0005	0.1177
Rata-rata	0.67387± 0.0010	0.6714

Tabel 4. Jumlah ragam alel, heterozogositas dan *Power of Discrimination* pada masing-masing generasi

Lokus	Generasi	Jumlah Ragam Alel	Heterozigositas	Power of Discrimination	
				1	2
FGA			GI	8	0.82 ± 0.0032
				8	0.81 ± 0.0087
				6	0.74 ± 0.0268
D18S511			GII	7	0.71 ± 0.0024
				7	0.71 ± 0.0062
				7	0.69 ± 0.0130
D2S1338			GIII	4	0.67 ± 0.0021
				4	0.57 ± 0.0042

Tabel 4 (lanjutan)

1	2	3	4	5
TPOX	GIII	4	0.69 ± 0.0060	0.76
	GI	6	0.75 ± 0.0031	0.83
	GII	6	0.76 ± 0.0087	0.84
D16S539	GIII	6	0.74 ± 0.0155	0.80
	GI	5	0.44 ± 0.0013	0.08
	GII	5	0.48 ± 0.0034	0.18
	GIII	5	0.47 ± 0.0063	0.16

Keterangan: GI=Generasi pertama; GII=Generasi kedua; GIII=Generasi ketiga

PEMBAHASAN

Alel-alel yang terdapat pada populasi dari tiga generasi masyarakat Bali ditemukan beragam yaitu 30 ragam alel. Ragam alel paling banyak ditemukan pada lokus FGA, yaitu sebanyak delapan alel, lalu diikuti oleh lokus D18S51 (tujuh alel), lokus TPOX (enam alel), lokus D16S539 (lima alel), dan lokus D2S1338, yaitu empat alel. Setiap lokus memiliki rentang panjang alel yang berbeda sehingga jumlah ragam alel yang dapat muncul pada tiap-tiap lokus dapat berbeda-beda (Butler, 2006b). Telah banyak dilakukan penelitian yang menggunakan mikrosatelite dengan menggunakan lokus-lokus tersebut dan ditemukan ragam alel yang lebih banyak dibandingkan penelitian ini, diantaranya keragaman genetik populasi orang-orang Afrika-Amerika, Causasian-Amerika, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, dan Trinidadians oleh Budowle *et al.* (1999), orang-orang Balkan oleh Asic *et al.* (2014), dan orang-orang Kroasia oleh Projic *et al.* (2007).

Rata-rata ragam alel dan nilai keragaman genetik (heterozigositas) yang ditemukan berbeda antar keluarga. Rata-rata ragam alel yang ditemukan per keluarga maupun secara keseluruhan paling banyak pada lokus FGA dan rata-rata ragam alel yang ditemukan paling sedikit adalah lokus D16S539. Selain itu nilai heterozigositas tertinggi terdapat pada lokus FGA (0.8016) dan terendah pada lokus D16S539 (0.4558). Hal ini menunjukkan bahwa lokus FGA lebih baik untuk digunakan dalam identifikasi bidang forensik daripada lokus

D16S539. Hal ini juga didukung oleh nilai *Power of Discrimination* dari lokus tersebut yang menunjukkan nilai tertinggi terdapat pada lokus FGA dan terendah terdapat pada lokus D16S539. Menurut Butler and Beker (2001), jika nilai heterozigositas dan *Power of Discrimination* lokus semakin tinggi, maka lokus tersebut semakin baik digunakan dalam analisis DNA dalam bidang forensik. Berdasarkan hasil penelitian ini lokus yang baik digunakan untuk identifikasi bidang forensik adalah lokus FGA, D18S51, D2S1338, TPOX karena lokus-lokus tersebut memiliki nilai *Power of Discrimination* lebih dari 0,50 (Tenakanai *et al.*, 2011; Fun *et al.*, 2002; Sano *et al.*, 1997).

Dalam penelitian ini, jumlah ragam alel pada lokus D2S1338 (4) lebih sedikit daripada jumlah ragam alel dari lokus D16S539 (5). Meskipun demikian, nilai heterozigositas dan *Power of Discrimination* dari lokus D2S1338 lebih besar daripada lokus D16S539. Hal ini disebabkan karena frekuensi alel pada lokus D2S1338 lebih merata daripada frekuensi alel pada lokus D16S539. Pada lokus D16S539 terdapat satu ragam alel yang frekuensinya sangat tinggi bila dibandingkan dengan ragam alel lainnya yaitu ragam alel dengan ukuran 152 pb. Hal ini meyebabkan nilai *Power of Discrimination* dari lokus ini kecil, namun alel dengan ukuran 152 pb pada lokus ini dapat menjadi penanda bagi masyarakat Bali. Hal seperti ini telah dilaporkan terdapat pada populasi Bosnia dan Herzegovina Utara. Dalam populasi tersebut terdapat satu alel (alel 8) pada lokus TPOX dengan frekuensi yang tinggi,

yaitu 0,536 dan diperkirakan menjadi karakteristik genetis populasi masyarakat tersebut (Hadziavdic *et al.*, 2012).

Nilai heterozigozitas dan *Power of Discrimination* berbeda pada masing-masing lokus. Demikian halnya dengan masing-masing generasi di lima lokus yang digunakan. Perbedaan ini dikarenakan oleh ditemukannya perbedaan jumlah ragam alel dan frekuensi alel pada masing-masing lokus. Nilai heterozigositas dan *Power of Discrimination* tertinggi pada lokus FGA dan berturutan diikuti lokus TPOX, lokus D18S51, lokus D2S1338, dan lokus D16S539. Tingginya nilai heterozigositas akan diikuti oleh tingginya nilai *Power of Discrimination*. Hal ini tergantung pada banyaknya ragam alel yang ditemukan pada tiap lokus. Semakin banyak ragam alel, maka semakin tinggi pula nilai heterozigositas dan *Power of Descriimination* dari lokus tersebut (Junitha dan Alit, 2011; Rudin and Crim, 2002).

Hasil analisis ragam alel pada masing-masing generasi, yaitu generasi pertama, kedua, dan ketiga, jumlah ragam alel yang ada pada masing-masing generasi di lima lokus selalu memiliki jumlah yang sama, kecuali pada lokus FGA. Lokus FGA diperoleh 8 ragam alel pada generasi I dan II. Pada lokus tersebut, generasi III memiliki jumlah ragam alel yang lebih sedikit yaitu 6 ragam alel. Perbedaan ini dapat disebabkan oleh tidak munculnya 2 jenis ragam alel pada generasi III karena alel tersebut memang tidak diturunkan, sehingga tidak ditemukannya dua jenis ragam alel tersebut, yaitu alel yang mempunyai panjang 205 bp dan alel 181 bp. Menurut Ellegren (2004), biasanya pengulangan dari alel diturunkan dari generasi ke generasi berikutnya. Ukuran panjang alel terpanjang lokus FGA adalah 209 bp dan terpendek adalah 177 bp. Ukuran panjang alel pada lokus tersebut mempunyai kisaran yang sama seperti yang ditemukan oleh Butler (2006a), yaitu dengan panjang alel 196-348 bp.

Lokus D18S51 memiliki 7 ragam alel pada masing-masing generasi. Hal ini menunjukkan bahwa alel-alel yang terdapat pada lokus tersebut semua diturunkan dari generasi I

sampai generasi III. Ukuran alel terpanjang pada lokus ini adalah 308 bp dan terpendek adalah 248 bp. Hal ini juga sama seperti yang ditemukan oleh Butler (2006a), bahwa lokus D18S51 memiliki kisaran panjang alel 264-394 bp.

Jumlah ragam alel yang ditemukan di lokus D2S1338, TPOX, dan lokus D16S539 memiliki jumlah yang sama pada masing-masing generasi. Lokus D2S1338 memiliki 4 ragam alel, lokus TPOX memiliki 6 ragam alel, dan lokus D16S539 memiliki 5 ragam alel. Ketiga lokus tersebut menghasilkan ukuran alel yang berbeda dengan Butler (2006a), yang mendapatkan bahwa lokus D2S1338 memiliki kisaran panjang alel 289-341 bp, lokus TPOX memiliki kisaran panjang alel 209-257, lokus D16S539 memiliki kisaran panjang alel 233-277 dengan *Applied Biosystems STR Kits PCR Product Sizes (Dye Label)*. Ukuran panjang alel terpendek lokus D2S1338 adalah 165 bp dan terpanjang adalah 185 bp, untuk lokus TPOX alel terpendek adalah 231 bp dan terpanjang adalah 263 bp, ukuran panjang alel terpendek lokus D16S539 adalah 148 bp dan terpanjang adalah 168 bp. Hasil yang berbeda juga ditemukan oleh Tenakanai *et al.* (2011), pada penelitian tentang frekuensi alel pada populasi orang-orang di Papua New Guinea bahwa lokus D16S539 memiliki kisaran ukuran alel antara 264-304 bp.

KESIMPULAN

Struktur genetik tiga generasi berdasar penanda DNA mikrosatelit autosom didapatkan 30 ragam alel, yaitu lokus FGA sebanyak delapan alel, diikuti lokus D18S51 (tujuh alel), lokus TPOX (enam alel), lokus D16S539 (lima alel), dan lokus D2S1338 empat alel. Keragaman genetik dan *Power of Discrimination* tertinggi ditemukan pada lokus FGA, diikuti oleh lokus D18S51, D2S1338, dan TPOX, sehingga keempat lokus ini baik digunakan dalam analisis DNA untuk kepentingan forensik.

DAFTAR PUSTAKA

- Asic, A., B. Bunjo, S. Dogan, L. Besic, I. Muhovic, and D. Marjanovic. 2014. Overview of The Autosomal STR Clustering Between Balkan Populations. *Proceedings The 5th International Symposium on Sustainable Development.* 10-16.
- Budowle, B., T. Morretti, A. Baumtraks, D. Defenbaugh, and K. Keys. 1999. Population Data on The Thirteen CODIS Core Short Tandem Repeat Loci in Africans Americans, U.S Caucasians, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, and Trinidadians. *Journal Forensic Science.* 44 (6). 1277-1286.
- Butler, J. M. and C. Beker. 2001. Improve Analysis of DNA Short Tandem Repeat with Time-of-Light Mass Spectrometry. *Science and Technology Research Report.* Washington DC: US Department of Justice Office of Justice Pogram
- Butler, J. M. 2005. Genetics and Genomics of STR Marker. 2nd ed. New York: Elsevier Academic Press.
- Butler, J. M. 2006a. *Forensic DNA Typing: Biology, Technology and Genetic of STR.* 2nd Edition ed. New York: Elsevier Academic Press.
- Butler, J. M. 2006b. Genetics and Genomics of Core Short Tandem Repeat Loci Used in Human Identity Testing. *Journal Forensic Science.* 51 (2). 253-265.
- Dauber, E. M., W. Bar, M. Klintschar, F. Neuhuber, W. Parson, and B. Glock. 2003. Mutation Rate at 23 Different Short Tandem Repeat Loci. *International Congress Series* 1239. 565-567.
- Dwitiari, C. M. 2012. Variasi Genetik Masyarakat Bali Mula di Desa Sembiran Buleleng dengan Penanda DNA Mikrosatelit. *Jurnal Biologi XVI* (1). 9-14.
- Ellegren, H. 2004. Microsatellites: Simple Sequences with Complex Evolution. *Natural Review Genetics.* 5.
- Fun, B., B. Liu, and K. Li. 2002. The Application of Microsatellite DNA Marker in Animal Individual Verification an Breed Asignment. *Proceedings of the 8th National Symposium on Animal Genetic Marker.* Yangling.
- Geada, H., L. Viriato, C. Vieira-Silva, C. Cruz, I. Lucas, and T. Ribeiro. 2003. STR Mutation in Paternity Investigations: A Study of 1-Year Consecutive Case. *International Congress Series* 1239. 657-660.
- Gill, P., P. L. Ivanov, C. Kimpton, R. Piercy, N. Benson, and G. Tully. 1994. Identification of The Remains of the Romanov Family by DNA Analysis. *Natural Genetics.* 6. 130-135.
- Hadziavdic, V., D. Marjanovic, N. Pojskic, R. Hadziselimovic, K. Bajrovic, and Z. Dolicanin. 2012. Diversity of Nuclear Short Tandem Repeat Loci in Representative Sample of North-Eastern Bosnian and Herzegovina Population. *Genetika.* 44 (3) 521-536.
- Hutscinson, F. 2001. DNA Band Size Semi-log Plotting. Cancer Reaserch Center. Science Education Partnership.
- Junitha, I. K, dan I. Alit. 2011. Ragam Alel DNA Mikrosatelit Autosom pada Masyarakat Bali Aga Desa Sembiran Kabupaten Buleleng Bali. *Jurnal Biota.* 16 (1). 63-39.
- Ma, H., Z. Huaijie, G. Fangxia, and C. Shen. 2006. Paternity Testing. *Journal of American Science.* 2 (4).
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics.* New York: Columbia University Press.
- Projic, P., V. Skaro, I. Samija, N. Pojskic, A. Dromic-Pasic, and L. Kovacevis. 2007. Allele Frequencies for 15 Short Tandem Repeat Loci in Representative Sample of Croation Population. *Croatia Medical Journal.* 48. 473-477.

- Rudin, N., and K. Crim. 2002. An Introduction to Forensic DNA Analysis Second Edition. New York: CRC Press.
- Sambrook, J., and D.W. Russell. 2001. Molecular Cloning: A Laboratory Manual Third Edition. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Sano, A., Z. Huiling, M. Kimura, C. Hong, and K. Nosawa. 1997. Genetic Variability in Commercial Quail Populations in Shannxi, China. *Studies on Animal Genetic Resource in China*. 223-229.
- Tegelström, H. 1986. Mitochondrial DNA in Natural Population: An Improves Routine for Screening of Genetic Variation Based on Sensitive Silver Staining. 7. 226-229.
- Tenakanai, N., S. Lagasu, M.M. Paniu, A. Masta, and V.J. Temple. 2011. Frequency of Alleles D16S539, D7S820, D13S317 in Population Sample in National Capital District, Papua New Guinea. *Pasicic Journal of Medical Sciences*. 8. 49-58.
- Unadi, Y.C., I. Narayani, and Junitha I.K. 2010. Variasi Genetik Suku Batak yang Tinggal di Kota Denpasar dan Kabupaten Badung Berdasarkan Tiga Lokus Mikrosatelite Autosom. *Jurnal Biologi XIV* (1) 33-38.
- Weber, J., and C. Wong. 1993. Mutation of Human Short Tandem Repeats. *Human Molecular Genetic*. 2 (8) 1123-1128.