

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Identifikasi dalam ilmu kedokteran forensik merupakan upaya membantu penyidik untuk menentukan identitas seseorang. Identitas personal sangat penting dalam penyidikan baik pada kasus pidana maupun perdata karena jika ada kekeliruan dapat berakibat fatal dalam proses peradilan (Yudianto, 2014). Sesuai amanat Undang-Undang No. 36 tahun 2009 tentang Kesehatan pasal 118 pasal 1 “Mayat yang tidak dikenal harus dilakukan upaya identifikasi”, maka upaya identifikasi merupakan hal yang wajib dilakukan oleh pemerintah, pemerintah daerah dan masyarakat. Kasus - kasus yang membutuhkan identifikasi forensik adalah identifikasi jenazah yang tidak dikenal, identifikasi jenazah korban bencana, kasus ragu ayah, bayi yang tertukar dan lain-lain.

Identifikasi forensik terdiri dari identifikasi primer dan sekunder. Seseorang teridentifikasi jika cocok satu identifikasi primer atau dua identifikasi sekunder. Identifikasi primer berupa sidik jari, gigi dan *deoxyribonucleic acid* (DNA). Identifikasi sekunder berupa pakaian, perhiasan, dokumen, data medis (ras ,umur, jenis kelamin, ciri khusus) dan data visual (Interpol, 2018). Data sidik jari pada kasus tertentu misalnya terbakar atau jenazah busuk lanjut biasanya sulit didapat karena ujung jari sulit ditemukan, tidak lengkap, sudah rusak atau terbakar. Data gigi sangat membantu pada identifikasi namun pada umumnya orang Indonesia jarang yang memiliki data medis gigi saat hidup. *Deoxyribonucleic acid* merupakan pemeriksaan yang paling dapat diandalkan untuk pemastian identitas (Goodwin, 2007).

Deoxyribonucleic acid merupakan materi keturunan yang dimiliki setiap orang dan merupakan *blueprint* setiap individu. Susunan DNA manusia khas untuk setiap individu sehingga dapat digunakan untuk membedakan individu satu dengan lainnya (Butler, 2005). Identifikasi personal melalui analisis DNA merupakan alat diagnostik yang akurat dalam bidang forensik. Analisis DNA tersebut antara lain melalui analisis *Variable Number of Tandem Repeat* (VNTR) dan *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP). Analisis DNA melalui VNTR merupakan pemeriksaan DNA yang didasarkan pada pengulangan urutan basa tertentu (*core sequence*). Seiring berjalannya waktu, metode untuk analisis DNA Forensik menggunakan daerah ulangan DNA dengan urutan basa kurang 1 kb, dikenal dengan istilah *microsatellite* atau disebut *Short Tandem Repeats* (STR) (Butler, 2005; Andreas, 2010).

Short Tandem Repeats adalah mikrosatelit dengan unit pengulangan yang panjangnya 2 hingga 7 pasangan basa. Analisis STR adalah metode biologi molekuler yang umum digunakan untuk membandingkan pengulangan alel pada lokus tertentu dalam DNA antara dua atau lebih sampel. *Polymerase Chain Reaction* (PCR) digunakan untuk menemukan panjang STR berdasarkan panjang produk PCR. *Short Tandem Repeats* sebagai penanda genetik paling umum, tersebar luas di genom manusia, telah memiliki berbagai aplikasi dalam profil DNA terutama dalam identifikasi individu dan pengujian paternitas selama beberapa dekade (Manasatienkij dan Ra-ngabpai, 2012; Ziętkiewicz *et al.*, 2012). *Short Tandem Repeats* memenuhi persyaratan sebagai penanda forensik secara memuaskan karena bisa menganalisis materi biologis yang cukup luas, hasilnya pada berbagai laboratorium mudah dibandingkan, mempunyai diskriminasi yang

tinggi, khususnya jika dianalisis dengan sejumlah besar lokus simultan/*multiplexing* (Goodwin, 2007; Rapley, 2007).

Identifikasi DNA adalah upaya untuk membandingkan antara profil DNA barang bukti dengan pembanding, sehingga dapat disimpulkan apakah profil DNA barang bukti cocok dengan pembanding atau tidak. Pola pewarisan yang spesifik pada DNA inti dan DNA mitokondria menentukan teknis identifikasi DNA. Identifikasi DNA yang melibatkan kromosom somatis, pembanding yang digunakan adalah ayah dan ibu. Identifikasi DNA yang melibatkan kromosom Y, pembanding yang digunakan adalah ayah kandung, kakek dari ayah, atau saudara laki-laki ayah dan seterusnya. Sedangkan pemeriksaan DNA mitokondria, pembanding yang digunakan adalah kerabat dalam satu garis keturunan ibu (Syukriani, 2012).

Tahap pemeriksaan DNA pada kasus-kasus yang membutuhkan identifikasi forensik adalah dimulai dari pengambilan sampel, penyimpanan sampel (jika tidak langsung dilakukan pemeriksaan di laboratorium), isolasi/ekstraksi DNA, kuantifikasi DNA, amplifikasi PCR, elektroforesis, deteksi alel, interpretasi data dan interpretasi statistik (Butler, 2010). Pada tahap amplifikasi PCR digunakan primer beberapa lokus STR. Sesuai rekomendasi *Federal Bureau Investigation* (FBI) tahun 1997, digunakan 13 lokus STR meliputi THO1, TPOX, CSF1PO, vWA, FGA, D3S1358, D5S818, D7S820, D13S317, D16S539, D8S1179, D18S51 dan D21S11 yang dikenal dengan *STR Combined DNA Index System* (CODIS) (Goodwin, 2007). Pada tahun 2012, FBI mengusulkan untuk memperluas jumlah lokus inti CODIS di Amerika Serikat dari 13 menjadi 20 lokus STR (Ge, Eisenberg dan Budowle, 2012; Hares, 2012). Saat

ini telah berkembang pemeriksaan di 16 lokus hingga 24 lokus STR (Elwick dan Hughes, 2018). Dalam praktek forensik, untuk menyelesaikan beberapa pengujian perselisihan kekerabatan, seperti analisis duo tanpa ibu atau ayah biasanya membutuhkan lebih banyak lokus STR non-CODIS untuk mencapai kriteria pengidentifikasian. Selain itu, tingkat mutasi lokus STR relatif tinggi. Untuk alasan ini, hasil pengujian keturunan cenderung kompleks jika bahkan satu atau dua ketidaksesuaian terjadi antara induk dan keturunannya. Sehingga dibutuhkan lebih banyak lokus STR non-CODIS sebagai pelengkap (Guo *et al.*, 2018). Pertimbangan yang paling penting dalam pemilihan lokus STR adalah variasi tinggi pada populasi di negara tersebut (Syukriani, 2012).

Ilmu statistik sangat penting untuk menunjang interpretasi hasil identifikasi DNA forensik, mencakup distribusi frekuensi dan teori kemungkinan. Sebagai ilustrasi, jika hasil pemeriksaan menunjukkan bahwa profil DNA tetesan darah di tempat kejadian perkara (TKP) identik dengan profil DNA tersangka, akan timbul pertanyaan apakah mungkin ada orang lain selain tersangka yang juga memiliki profil DNA seperti itu? Pertanyaan ini dijawab melalui perhitungan statistik tertentu (Syukriani, 2012).

Ada tiga macam kesimpulan dalam identifikasi forensik khususnya pada kasus ragu ayah yaitu eksklusif, inklusif dan tidak dapat disimpulkan. Kesimpulan eksklusif dimana terdapat alel yang tidak sesuai (*unmatch*) setidaknya pada dua lokus STR yang berbeda meskipun *match* pada lokus lainnya. Kesimpulan inklusif jika *match* diseluruh lokus yang digunakan (Butler, 2010). Jika kesimpulan yang didapatkan inklusif maka dibutuhkan interpretasi statistik. Ilmu statistik yang diterapkan untuk DNA forensik menggunakan dasar teori genetika populasi yaitu

ilmu statistik yang didasarkan pada penelitian data populasi yang menunjukkan seberapa sering atau seberapa jarang profil DNA seperti itu terdapat pada populasi terkait (Butler, 2005; Andreas, 2010). Kesimpulan eksklusi memberikan keyakinan 100% sementara kesimpulan inklusi membutuhkan analisis statistika genetika populasi untuk mendapatkan *paternity index/likelihood ratio*. Angka estimasi frekuensi alel yang telah dikoreksi dimasukkan ke dalam rumus perhitungan untuk kalkulasi *probability of paternity* (Goodwin, 2007).

Penelitian menunjukkan bahwa variasi DNA dapat mengelompok dalam populasi. Hal ini akibat kecenderungan manusia berpasangan dengan manusia yang tinggal dalam satu wilayah geografis dan kemungkinan berasal dari kelompok ras yang sama atau bahkan berkerabat dekat. Faktanya adalah banyak varian STR yang sama-sama dimiliki oleh berbagai kelompok populasi atau ras. Perbedaan biasanya hanya terkait dengan frekuensi atau seberapa sering variasi tersebut ditemukan pada bangsa tertentu. Ada pula fenomena varian STR yang banyak dimiliki oleh kelompok etnis tertentu, namun jarang dimiliki oleh individu dari kelompok etnis lain. (Syukriani, 2012).

Ketepatan penggunaan lokus dalam analisis DNA di suatu wilayah berkaitan dengan kekuatan pembeda (*power of discrimination*) dari tiap lokus yang digunakan dimana kekuatan pembeda tersebut ditentukan oleh banyaknya ragam alel dan frekuensi masing-masing alel setiap lokus. Semakin banyak ragam alel yang ditemukan, maka semakin tinggi nilai heterozigositas dan *power of discrimination* (PD) pada lokus tersebut. Semakin tinggi nilai heterozigositas dan PD yang dihasilkan, maka lokus tersebut semakin baik digunakan dalam analisis DNA untuk keperluan forensik (Hidayat dan Susanti, 2018). Ragam dan frekuensi

alel masing-masing lokus hanya bisa diketahui dari penelitian yang dilakukan pada masing-masing populasi atau masyarakat (Septiasari, Junitha dan Wirasiti, 2017).

Heterozigositas menggambarkan tingkat keragaman genetik dalam populasi. *Power of discrimination* memberikan ukuran seberapa besar kemungkinan dua individu akan berbeda *genotipe* (F. Stephenson, 2016). Pada penelitian sebelumnya juga didapatkan perbedaan heterozigositas dan PD pada populasi yang berbeda (Junitha dan Carolina Yossy, 2016; Iza, 2017).

Genetika populasi adalah ilmu yang mempelajari perubahan variasi genetik dalam suatu populasi. *Gene pool* merupakan jumlah alel dari semua gen dalam suatu populasi. Setiap anggota populasi akan mewarisi gen dari kedua orang tuanya yang menjadi bagian dari *gene pool* tersebut. Setiap individu dalam populasi juga akan meneruskan *gene pool* ke keturunannya. Para ahli genetika populasi mempelajari variasi genetik dalam *gene pool* dan bagaimana variasi ini berubah dari generasi satu ke generasi berikutnya. Untuk mempelajari polimorfisme dalam suatu populasi maka para ahli genetika populasi mengamati frekuensi gen dan frekuensi *genotipe* dalam populasi. Hukum Hardy-Weinberg atau yang sering disebut dengan Hukum Ketetapan Hardy-Weinberg menyatakan bahwa frekuensi alel dan frekuensi *genotip* dalam suatu populasi akan tetap konstan, yaitu berada dalam kesetimbangan dari satu generasi ke generasi berikutnya kecuali apabila terdapat pengaruh-pengaruh tertentu yang mengganggu kesetimbangan tersebut. (Panggabean, 2016).

Polymorphism Informative Content (PIC) digunakan untuk mengukur apakah penanda genetik untuk studi yang terkait informatif dan kemampuannya

untuk mendeteksi polimorfisme di antara individu-individu dari suatu populasi. Semakin tinggi kapasitas itu, semakin besar nilai PIC nya (Arisuryanti and Daryono, 2007). *Match probability* adalah probabilitas bahwa orang acak dalam populasi akan memiliki profil DNA tersebut. Sedangkan *probability of exclusion* adalah probabilitas atau kemungkinan untuk membuat pengecualian (Frank, 2016).

Pada banyak negara didunia *database* DNA forensik sudah tersedia dengan baik. Di Amerika Serikat terdapat CODIS yang berisi profil DNA seseorang, terutama para pelaku dan korban kejahatan. Jumlah profil DNA seseorang yang menjadi *database* Amerika Serikat bervariasi mulai dari ribuan hingga ratusan ribu. Kebanyakan dari profil DNA tersebut berasal dari tempat kejadian perkara (Goodwin, 2007). Institusi atau negara yang berbeda mengeluarkan standar yang berbeda pula, dan dari tahun ke tahun mengalami perkembangan dalam hal konsep statistika maupun teknologi (Andreas Tillmar, 2010; Syukriani, 2012).

Yoo et al tahun 2011 melakukan pengembangan *data bank* terhadap orang-orang Korea dengan 15 STR autosomal, hal ini didorong oleh telah berhasilnya Amerika Serikat mengembangkan CODIS dan Inggris dengan National DNA *database*. Pengembangan ini merupakan salah satu bentuk kemajuan *database* Korea dan diharapkan dapat berguna untuk bidang Forensik (Yoo, 2011). Beberapa penelitian yang sama juga dilakukan di Cina (Zhang et al., 2016), Filipina (Rodriguez et al., 2015), Malaysia (Panneerchelvam et al., 2004) dan hampir disetiap negara telah melakukan studi analisis genetik di beberapa lokus STR. Beberapa penelitian juga telah dilakukan untuk mendapatkan *database*

untuk 21 lokus STR menggunakan kit Globalfiller pada populasi Azerbaijani (Aliyeva *et al.*, 2021), populasi Mongolia (Park *et al.*, 2017), populasi Italia (Ghiani *et al.*, 2021), Mexico (García, 2018) dan Saudi arabia (Alsafiah *et al.*, 2017). Pada populasi Azerbaijani didapatkan alel baru yang khas untuk populasi Azerbaijani yaitu alel 12.3, 13.3 dan 27.3 pada lokus SE33 serta alel 19.2 pada lokus D12S391 (Aliyeva *et al.*, 2021). Pada populasi Mongolia didapatkan bahwa berdasarkan hasil *genetic distance* FST berpasangan dan penskalaan multi-dimensi plot menunjukkan bahwa orang Mongolia dikelompokkan ke dalam orang Eropa dan Asia, meskipun Mongolia secara geografis terletak di Timur Laut Asia (Park *et al.*, 2017).

Di negara-negara belum memiliki basis penelitian yang memadai, biasanya digunakan salah satu standar seperti CODIS atau ESS (*European Standard Set*) (Syukriani, 2012). Penelitian frekuensi alel terhadap populasi Indonesia dilakukan oleh Untoro *et al* untuk mendapatkan *database* 13 STR CODIS DNA. Hasil penelitian ini mendapatkan bahwa frekuensi alel untuk populasi Indonesia adalah spesifik dan berbeda dari populasi Asia lainnya (Untoro *et al.*, 2009).

Penelitian menunjukkan bahwa terdapat perbedaan frekuensi alel pada setiap kelompok populasi pada masing-masing lokus. Penelitian di Amerika Serikat terhadap kelompok populasi Caucasia, Africa-America dan Hispanic didapatkan perbedaan frekuensi alel yang signifikan di beberapa alel di setiap lokus STR (Butler, 2005). Penelitian yang dilakukan di Malaysia terhadap berbagai populasi didapatkan perbedaan frekuensi alel yang signifikan antara berbagai populasi di Malaysia yaitu antara populasi Dusun dan populasi Melayu,

Cina, dan Iban (Roslan, Azizan dan Saat, 2009). Penelitian oleh Iza didapatkan adanya perbedaan frekuensi alel pada populasi suku Jawa dan Madura pada beberapa lokus. Nilai heterozigositas populasi suku Madura lebih tinggi dibandingkan populasi suku Jawa (Iza, 2017).

Karakteristik populasi manusia pada tingkat genetik merupakan bagian integral dari biologi forensik dan genetika populasi. Penelitian oleh Shepard et al terhadap 5 kelompok populasi Austronesia yaitu kelompok Ami dan Atayal dari Taiwan, Bali dan Jawa di Indonesia, dan pulau-pulau Polinesia di Samoa Ami didapatkan bahwa analisis filogenetik menunjukkan perbedaan yang jelas antara Ami dan Atayal dan antara Jawa dan Bali, yang mengingkari kedekatan geografis masing-masing dari populasi di setiap kelompok. Diferensiasi ini didukung oleh semakin tinggi komponen varians antar populasi Austronesia dibandingkan dengan kelompok non-Austronesia Asia lainnya. Data filogenetik menunjukkan bahwa kelima kelompok ini adalah berbeda secara genetik. Derajat diferensiasi genetik ini membuktikan bahwa diperlukannya pembuatan *database* khusus populasi untuk kepentingan identifikasi manusia (Shepard *et al.*, 2005).

Negara Kesatuan Republik Indonesia terbentuk dari berbagai suku bangsa dengan budaya yang sangat bervariasi. Campuran genetik dari berbagai belahan dunia pada masyarakat Indonesia akan membentuk struktur genetik tertentu di masing-masing daerah di Indonesia (Bellwood, 2000). Oleh karena itu penelitian DNA mikrosatelit atau STR untuk kepentingan forensik sangat perlu dilakukan dalam rangka penyediaan *database* profil DNA masing-masing suku di Indonesia. Penelitian tentang frekuensi alel populasi/suku tertentu masih sedikit di Indonesia. Penelitian yang sudah pernah dilakukan yaitu etnis madura dan jawa pada 13

lokus STR (Iza, 2017), suku Batak di Denpasar dan Badung dengan 5 lokus STR (Junitha and Carolina Yossy, 2016) dan khususnya Sumatera Barat hanya ada satu penelitian pada suku Minangkabau (Hidayat and Susanti, 2018) dimana hanya menggunakan 3 lokus STR yaitu TH01, TPOX dan CSF1PO. Penelitian ini untuk melengkapi data yang sudah ada dengan menggunakan teknologi pembacaan variasi alel yang lebih lengkap yaitu menggunakan elektroforesis kapiler ABI PRISM 3500 *Genetic Analyzer* yang dilengkapi dengan *software gene mapper*. Penelitian tentang mitokondria DNA suku Mentawai oleh Peditama menyatakan bahwa Suku Mentawai mempunyai hubungan genetik yang erat dengan populasi yang bermigrasi pada tahap ketiga hipotesis kolonisasi bertingkat yaitu Filipina, Bugis, Cina Selatan, dan Aborigin Taiwan. Penelitian tersebut menyarankan untuk melanjutkan penelitian data STR autosomal suku Mentawai (Peditama, Syukriani dan Shahib, 2014).

Penduduk Sumatera Barat dihuni oleh mayoritas suku Minangkabau yang menempati daratan pulau Sumatera. Terdapat kepulauan di bagian barat pulau Sumatera yaitu Pagai Utara dan Pagai Selatan, Sipora, dan Siberut yang penduduknya bersuku Mentawai. Berdasarkan sensus penduduk tahun 2020 jumlah penduduk Provinsi Sumatera Barat per September 2020 sebesar 5,53 juta jiwa (Badan Pusat Statistik Provinsi Sumatera Barat, 2021). Suku Mentawai merupakan ras Proto Melayu yang berasal dari Yunan sekitar tahun 2000 SM dan datang ke Indonesia melalui jalur dari Indocina melewati Semenanjung Malaya ke Sumatera, sedangkan Suku Minang merupakan ras Deutro Melayu yang berasal dari daerah Teluk Tonkin (Vietnam Utara) sekitar tahun 500 SM (Irsa, Syaifullah, 2013). Perbedaan asal usul ini bisa saja menyebabkan perbedaan

variasi genetik berupa frekuensi alel, heterozygositas, *power of discrimination*, *Probability of Exclusion* dan *Match Probability*, *Hardy-Weinberg Equilibrium* (HWE), *Polymorphic Information Content* di kedua suku ini.

Sumatra Barat merupakan salah satu daerah rawan gempa di Indonesia. Menurut Pusat Vulkanologi dan Mitigasi Bencana, Departemen Energi, wilayah Sumatra Barat merupakan kawasan yang tergolong rawan terjadinya gempa. Khususnya, kepulauan Mentawai dan pantai barat Provinsi Sumatra Barat merupakan daerah yang terdekat dengan pusat gempa bumi (Murtianto, 2016). Saat terjadinya bencana dan banyak korban yang meninggal maka untuk upaya identifikasi forensik sangatlah membutuhkan data frekuensi alel populasi setempat untuk menentukan *probability of identity* dan *match probability* (Butler, 2010). Selain untuk identifikasi jenazah pada korban bencana, data frekuensi alel dan parameter forensik lainnya juga diperlukan untuk penyelesaian kasus-kasus ragu ayah, bayi tertukar dan identifikasi kasus forensik lainnya.

Sampai saat ini variasi genetik STR, frekuensi alel, heterozygositas, *power of discrimination*, *probability of exclusion* dan *match probability*, *Hardy-Weinberg equilibrium* (HWE), *polymorphic information content* Suku Minangkabau dan Mentawai belum banyak diketahui. Sesuai perkembangan STR multiplex system yang digunakan untuk DNA typing yang direkomendasikan sejak tahun 2012 adalah penggunaan lebih dari 20 lokus (Shrivastava et al., 2018), maka diperlukan pengembangan data populasi untuk identifikasi forensik khususnya Suku Minangkabau dan Mentawai. Pada penelitian ini digunakan kit Globalfiller yang mengandung 21 lokus STR yaitu 13 lokus STR CODIS, 7 lokus STR The Expanded European Standard Set of Loci (ESSL) dan 1 lokus yang

kekuatan diskriminasinya cukup tinggi yaitu lokus SE33 (Thermo Fisher Scientific, 2019). Data populasi untuk 21 lokus STR Suku Minangkabau dan Mentawai belum pernah ada. Oleh karena itu maka peneliti tertarik untuk melakukan penelitian tentang analisis genetik 21 lokus STR pada suku Minangkabau dan Mentawai.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian pada latar belakang di atas, dapat dirumuskan masalah penelitian sebagai berikut:

- 1.2.1. Bagaimana analisis frekuensi alel, jumlah alel dan variasi alel suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?
- 1.2.2. Apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara frekuensi alel suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?
- 1.2.3. Apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Expected Heterozygoity* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?
- 1.2.4. Apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Power of Discrimination* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?
- 1.2.5. Apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Match Probability* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?
- 1.2.6. Apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Hardy-Weinberg Equilibrium* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?

1.2.7. Apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Polymorphic Information Content* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR?

1.3 Tujuan Penelitian

1.3.1 Tujuan Umum

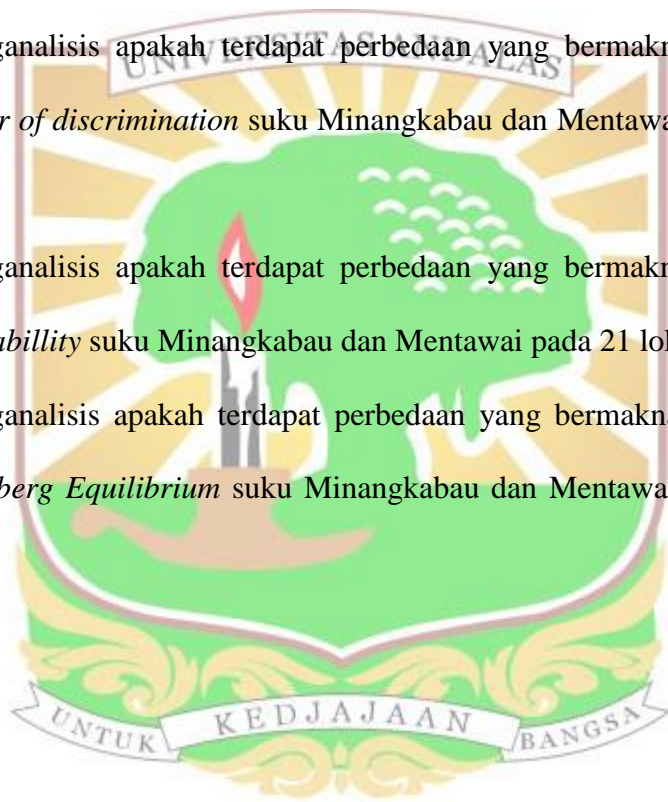
Menganalisis variasi genetik 21 lokus STR suku Minangkabau dan Mentawai.

1.3.2 Tujuan Khusus

Tujuan khusus dari penelitian ini adalah sebagai berikut:



- 1.3.2.1 Menganalisis frekuensi alel, jumlah alel dan variasi alel Suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR
- 1.3.2.2 Menganalisis apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara frekuensi alel suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR
- 1.3.2.3 Menganalisis apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Expected Heterozygoity* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR
- 1.3.2.4 Menganalisis apakah terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *power of discrimination* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR
- 1.3.2.5 Menganalisis apakah terdapat perbedaan yang bermakna rerata *match probability* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR
- 1.3.2.6 Menganalisis apakah terdapat perbedaan yang bermakna rerata *Hardy-Weinberg Equilibrium* suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR



1.3.2.7 Menganalisis apakah terdapat perbedaan yang bermakna rerata *Polymorphic Information Content* STR suku Minangkabau dan Mentawai pada 21 lokus STR

1.4 Manfaat Penelitian

1. Manfaat keilmuan: hasil penelitian ini diharapkan akan menambah informasi/*data base* mengenai variasi genetik suku Minangkabau dan Mentawai.
2. Manfaat aplikatif: penelitian ini merupakan penelitian untuk mendapatkan data frekuensi alel suku Minangkabau dan Mentawai dimana diharapkan dapat membangun *data base* suku Minangkabau dan Mentawai yang dapat bermanfaat untuk praktek identifikasi forensik dan studi genetika populasi suku Minangkabau dan Mentawai
3. Manfaat masyarakat: hasil penelitian ini dapat bermanfaat untuk proses identifikasi kasus-kasus forensik suku Minangkabau dan mentawai.

