

**DISERTASI**

**ANALISIS GENETIK 21 LOKUS *SHORT TANDEM REPEATS* (STR)  
SUKU MINANGKABAU DAN MENTAWAI DI SUMATERA BARAT**



**Oleh**  
**CITRA MANELA**  
**NIM.1830312003**

**Pembimbing :**

Dr.dr. Rika Susanti, Sp.FM(K)

Prof. Dr. dr. Ahmad Yudianto, Sp.FM(K)

Dr. Djong Hon Tjong, S.Si, MSi

**PROGRAM STUDI DOKTOR ILMU BIOMEDIK**

**FAKULTAS KEDOKTERAN**

**UNIVERSITAS ANDALAS**

**PADANG**

**2023**

## ABSTRAK

### ANALISIS GENETIK 21 LOKUS *SHORT TANDEM REPEATS* (STR) SUKU MINANGKABAU DAN MENTAWAI DI SUMATERA BARAT

Citra Manela

Indonesia terdiri dari berbagai suku bangsa dengan budaya yang beragam. Campuran genetik dari berbagai belahan dunia pada masyarakat Indonesia akan membentuk struktur genetik tertentu di masing-masing daerah di Indonesia. Penelitian tentang frekuensi alel dan variasi genetik tiap suku bangsa di Indonesia belum banyak dilakukan. Sumatera Barat merupakan daerah rawan bencana. Kepulauan Mentawai dan pesisir Provinsi Sumatera Barat merupakan wilayah yang paling dekat dengan pusat gempa. Oleh karena itu, dilakukan penelitian pada 21 lokus STR untuk mendapat frekuensi alel suku Minangkabau dan Mentawai untuk memperkaya *database* variasi genetik suku di Indonesia. Data frekuensi alel diperlukan untuk proses identifikasi forensik.

Penelitian ini menggunakan desain penelitian observasional analitik dengan pendekatan *crosssectional*. Sampel penelitian ini adalah 42 orang yang bersuku Minangkabau dan 42 orang bersuku Mentawai. Terhadap sampel diambil darah vena sebanyak 5 ml kemudian dilakukan pemeriksaan ekstraksi DNA menggunakan kit PrepFiler, kuantifikasi DNA dan amplifikasi DNA menggunakan PCR dengan kit GlobalFiler menggunakan primer 21 lokus STR dan elektroforesis menggunakan ABI Prism 3500 Genetic Analyzer. Perhitungan frekuensi alel dan parameter forensik menggunakan *software* Easy DNA dan FORSTAT.

Dari hasil penelitian didapatkan pada suku Minangkabau ditemukan total 174 varian alel sedangkan pada suku Mentawai ditemukan 176 varian alel pada 21 lokus STR. Pada hampir semua alel di 21 lokus STR ditemukan perbedaan frekuensi alel antara suku Minangkabau dan Mentawai, namun perbedaan frekuensi yang berbeda signifikan hanya pada 15 alel (7,6%). Pada penelitian ini ditemukan beberapa alel yang sangat jarang ditemukan yaitu alel 6.3 lokus TH01 pada suku Mentawai dan alel 12.3 pada lokus D2S441 pada suku Minangkabau. Tidak terdapat perbedaan yang bermakna antara rerata *Expected heterozygosity*, *Power of discrimination*, *Match probability*, *Hardy Weinberg Equilibrium* dan *Polymorphic Information Content* antara suku Minangkabau dan Mentawai. Lokus yang paling tinggi *Expected heterozygosity* dan *Power of discrimination* serta paling rendah *Match probability* nya adalah lokus SE33 baik pada suku Minangkabau maupun Mentawai. Beberapa lokus tidak berada pada keseimbangan *Hardy Weinberg* yaitu lokus D3S1358, D5S818, vWA pada suku Mentawai dan lokus D1S1656, D22S1045 pada suku Minangkabau, sedangkan lokus yang lain berada pada keseimbangan *HardyWeinberg*. *Polymorphic information content* disemua lokus baik pada suku Minangkabau dan Mentawai sangat polimorfis ( $p > 0,5$ ). Rata-rata *Power of discrimination* di 21 lokus STR

pada suku Minangkabau adalah 91,17% sedangkan pada suku Mentawai 91,92% sehingga disimpulkan 21 lokus STR ini dapat digunakan untuk identifikasi forensik dan studi genetika populasi pada suku Minangkabau dan Mentawai

**Kata kunci:** *Short tandem repeats*, minangkabau, mentawai, variasi genetik, frekuensi alel



## ABSTRACT

### GENETIC ANALYSIS OF A 21 LOCUS SHORT TANDEM REPEAT (STR) IN THE MINANGKABAU AND MENTAWAI POPULATIONS OF WEST SUMATRA

**Citra Manela**

Indonesia encompasses diverse ethnic groups, each characterized by unique cultural traditions. The amalgamation of genetic contributions from various global regions within the Indonesian population gives rise to distinct genetic structures across different country regions. However, limited research has been conducted on allele frequencies and genetic variations within each ethnic group in Indonesia. As West Sumatra is prone to disasters, with the Mentawai Islands and the coast of West Sumatra Province being in close proximity to epicentres, a study was undertaken to examine allele frequencies at 21 Short Tandem Repeat (STR) loci among the Minangkabau and Mentawai populations. The purpose of this study was to contribute valuable data to enrich the database of ethnic genetic variations in Indonesia, which is essential for forensic identification processes.

This study uses an analytic observational research design with a cross-sectional approach. The sample of this research were 42 people with Minangkabau ethnicity and 42 people with Mentawai ethnicity. 5 ml of venous blood was taken from the sample, then DNA extraction was examined using the PrepFiler kit, DNA quantification and DNA amplification using PCR with the GlobalFiler kit using 21 locus STR primers and electrophoresis using the ABI Prism 3500 Genetic Analyzer. Calculation of allele frequencies and forensic parameters using Easy DNA and FORSTAT software.

The study findings revealed 174 allele variants in the Minangkabau tribe and 176 allele variants in the Mentawai tribe at the 21 Short Tandem Repeat (STR) loci. Substantial differences in allele frequencies between the Minangkabau and Mentawai tribes were observed for nearly all alleles at the 21 STR loci, with statistical significance detected in only 15 alleles (7.6%). Notably, this investigation identified several rare alleles, such as allele 6.3 at the TH01 locus in the Mentawai tribe and allele 12.3 at the D2S441 locus in the Minangkabau tribe. Regarding forensic parameters, no significant disparities were observed between the Minangkabau and Mentawai tribes regarding mean Expected heterozygosity, Power of discrimination, Match probability, Hardy Weinberg Equilibrium, and Polymorphic Information Content. The locus with the highest Expected heterozygosity and Power of discrimination and the lowest Match probability was identified as the SE33 locus in both the Minangkabau and Mentawai tribes. Several loci exhibited deviations from Hardy Weinberg equilibrium, specifically loci D3S1358, D5S818, vWA in the Mentawai tribe, and loci D1S1656, D22S1045 in the Minangkabau tribe, while the remaining loci demonstrated equilibrium. Polymorphic information content at all loci in both the Minangkabau and Mentawai tribes displayed a high level of polymorphism ( $p > 0.5$ ). The

average Power of discrimination for the 21 STR loci was determined to be 91.17% in the Minangkabau tribe and 91.92% in the Mentawai tribe, thus affirming the utility of these loci for forensic identification and population genetic studies among the Minangkabau and Mentawai tribes.

**Keywords :** *Short tandem repeats, Minangkabau, Mentawai, genetic variation, allele frequency.*

