

Penentuan Keturunan dengan Menggunakan DNA pada Tulang Belulang Jenazah : Systematic Review

Herratri Wikan Nur Agusti*

Departemen Forensik dan Medikolegal, RSUD Dr. Moewardi, Surakarta

Korespondensi : agustihwn@gmail.com

ABSTRAK

Pendahuluan : Mengetahui silsilah keluarga ataupun asal muasal seseorang merupakan salah satu sarana dalam identifikasi seseorang. Penggunaan DNA (Asam Deoksiribonukleat) untuk mengetahui asal muasal dari seseorang hingga dapat mengidentifikasi warna mata, warna kulit, hingga warna rambut dari sampel tulang sedang tren di Amerika Serikat dan Eropa. Di Indonesia proses identifikasi pada jenazah yang telah menulang masih kurang informatif. Pelaksanaan identifikasi DNA tidak banyak digunakan akibat biaya operasional yang tinggi dan membutuhkan database yang besar.

Tujuan : Menggali literatur tentang penggunaan DNA untuk identifikasi dan mencari garis keturunan.

Metode : Sistematis review data tahun 2017 - 2022 pada pencarian pubmed. Ekstraksi data dengan kunci pencarian berupa 'geneology remains' 'human' dan 'DNA'. Peninjauan bahasan hanya khusus jurnal yang termasuk dalam *free fulltext*.

Hasil : Jurnal yang sesuai dengan kunci pencarian sebanyak 22 jurnal diantaranya jurnal *free fulltext* dan menggunakan subyek manusia hanya 9 jurnal. Jurnal tersebut membahas mengenai penyakit keturunan, database DNA, laporan kasus, dan membahas metode penelitian DNA itu sendiri. Mayoritas pengukuran dengan menggunakan kromosom Y untuk mengukur keturunan, namun dapat juga menggunakan kromosom lain.

Kesimpulan : Pemeriksaan DNA dapat digunakan untuk mengukur keturunan dengan sangat detail terutama pada sampel tulang namun masih banyak limitasi sehingga aplikasi di masyarakat menjadi sangat kurang.

Kata kunci : DNA; keturunan; tulang; cakupan

ABSTRACT

Introduction: Knowing a person's family tree or origin is one means of identifying a person. The DNA (Deoxyribonucleic Acid) to determine the origin of a person is a trend in the United States and Europe now. DNA examinations had the capabilities to identify eye color, skin color, and hair color from bone samples. In Indonesia, the identification process for bone remains is still less informative. The implementation of DNA identification is not widely used due to high operational costs and requires a huge database.

Purposed: Explore the literature regarding the use of DNA for identifying individuals and tracing their lineages.

Methods: This study uses a systematic review. Data is obtained between 2017 - 2022 on PubMed searches. Extract data with search keys in the form of genealogy remains' 'human' and 'DNA' The review of the discussion is only for journals included in the free full text.

Results: Articles that match the search key are 22 articles. Nine articles are free full text and human subjects. The journal discusses hereditary diseases, DNA databases, case reports, and DNA research methods. Most research uses the Y chromosome to measure the pedigrees, but it could be using other chromosomes.

Conclusions: DNA examination could be used to measure heredity in great detail, especially in bone samples, but there are still many limitations like the application in society is very lacking.

Keywords: DNA; pedigree; bone remains; magnitude

PENDAHULUAN

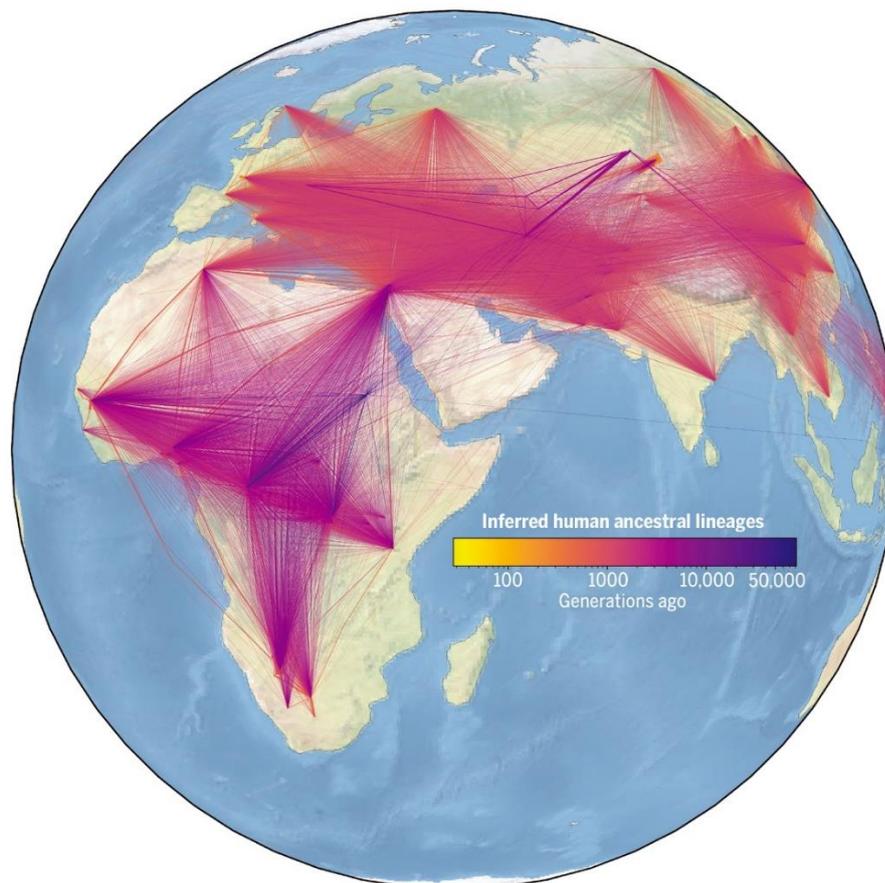
Pengetahuan mengenai silsilah seseorang penting hubungannya terutama dalam bidang administrasi, hukum perdata dan medis. Pengetahuan mengenai silsilah keluarga penting dalam hal terutama arsip kependudukan (akta kelahiran, KTP, KK), pendidikan (pemenuhan syarat dokumen), kartu sehat (asuransi), sertifikat pertanahan, hukum waris, sejarah, surat pribadi dan lain sebagainya. Setidaknya ada 3 dimensi kepentingan silsilah keluarga itu sendiri, yaitu menarasikan asal-usul keluarga, silsilah, ataupun sosok yang berpengaruh di keluarga; menjadi social engineering untuk melakukan rekayasa sosial dan yang terakhir perwujudan masa lalu selalu aktual baik dalam konteks bidang, spasial maupun peristiwa (Historiografi) (Dewi et al., 2020). Dalam bidang psikologis, pengetahuan mengenai silsilah keluarga berhubungan dengan nilai hidup dan tradisi yang dipupuk di keluarga. Nilai tersebut dicera dan diaplikasikan dalam kehidupan seseorang dan menjadikan orang tersebut jauh lebih terarah. Lemahnya pengetahuan mengenai silsilah keluarga dapat melemahkan relasi yang terjalin antar individu di dalam keluarga besar, ketidakstabilan psikologis dan minimnya pertautan kasih sayang yang dimiliki. Dalam bidang medis pun, pengetahuan mengenai silsilah dapat berhubungan dengan variasi populasi yang dinamis, distribusi dan penampakan dari fenotip dan ciri khusus seseorang, hubungan keluarga, kekuatan hubungan jenis kelamin, dan penyebaran penyakit (Bini et al., 2021).

DNA (Asam Deoksiribonukleat) merupakan salah satu cara pasti untuk mengetahui karakteristik seseorang. Pemeriksaan DNA mampu mengidentifikasi warna mata, warna kulit, hingga warna rambut hanya dari sampel tulang. Pemeriksaan tersebut sedang tren di Amerika Serikat dan Eropa untuk mengetahui ras leluhur mereka sendiri (Avila-Arcos et al., 2022). Pemeriksaan membandingkan antara gen manusia modern dengan manusia purba yang telah di data dan diurutkan di beberapa bagian tertentu dari berbagai tingkat kepurbaan tulang. Metode ini memiliki kelemahan dan memiliki tingkat kesalahan yang tinggi karena menggunakan gen purba untuk mendeteksi gen manusia modern. Namun peningkatan heterogenitas membuktikan adanya tingginya variasi yang mungkin diakibatkan perpindahan penduduk, perpaduan populasi dan banyaknya waktu yang dicapai untuk membentuk manusia modern.

Di Indonesia proses identifikasi pada jenazah yang telah menulang masih kurang informatif. Pelaksanaan identifikasi DNA hanya digunakan untuk kepentingan hak waris, pembaruan legalitas anak dan tidak banyak digunakan akibat biaya operasional yang tinggi. Penentuan keturunan dengan pemeriksaan DNA di Indonesia penting mengingat Indonesia memiliki keragaman populasi yang mungkin secara biologis tidak berhubungan (seperti pada anak angkat atau anak tidak sah hasil perselingkuhan). Penentuan keturunan yang telah berlangsung selama ini di Indonesia masih didasari sistem kepercayaan berdasar saksi-saksi dan dokumen resmi serta foto-foto tanpa dasar biologis yang jelas.

Penelitian keturunan DNA di Indonesia telah dilakukan di beberapa daerah dan beberapa etnis yang menyatakan bahwa masyarakat Indonesia bukan merupakan masyarakat asli Indonesia namun merupakan pendatang dari Afrika. Namun penelitian ini hanya menunjukkan populasi di Indonesia Tengah dan Indonesia Timur (Kusuma, 2017). Lalu bagaimana dengan Indonesia Bagian Barat? Meskipun ada berita yang menyatakan beberapa artis terkenal telah melakukan tes keturunan tersebut namun belum ada penelitian yang mengkhususkan tes keturunan pada poulasi Indonesia Bagian Barat tersebut. Padahal tes keturunan tersebut penting untuk membantu dalam proses identifikasi jenazah yang telah menjadi tulang belulang.

Tujuan menggali literatur tentang penggunaan DNA untuk identifikasi dan mencari garis keturunan



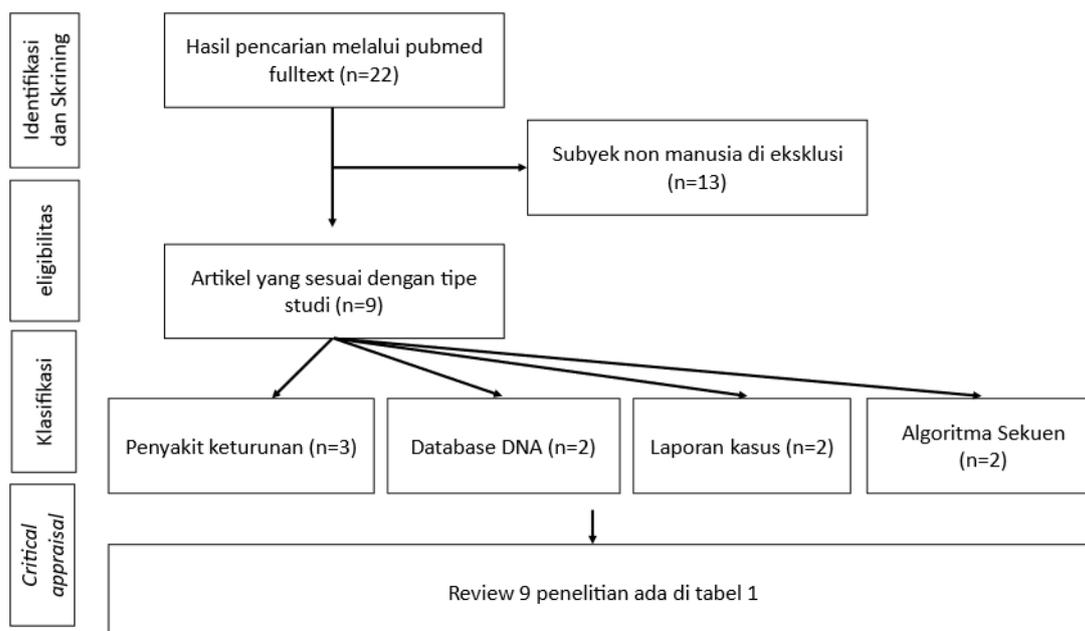
Gambar 1. Hubungan antara gen manusia modern hingga manusia purba. Lebar garis menandakan seberapa banyak penelitian yang telah dilakukan. Warna menunjukkan usia gen purba (Wohns et al, 2022)

METODE

Penelitian ini menggunakan metode sistematik review data antara tahun 2017 - 2022 pada pencarian pubmed. Pencarian tersebut dimaksudkan untuk melihat trend pembahasan terakhir di media literasi jurnal yang paling banyak dijadikan acuan dalam bidang kesehatan. Ekstraksi data dengan kunci pencarian berupa 'geneology remains' 'human' dan 'DNA'. Jurnal dengan subyek bukan manusia dieksklusi sedangkan jurnal yang membahas database dengan model matematik dan subyek manusia termasuk dalam kriteria inklusi. Peninjauan bahasan hanya khusus jurnal yang termasuk dalam *free fulltext* dan berbahasa inggris. Telaah jurnal dilakukan oleh seorang peneliti berdasarkan pemeriksaan dan database DNA mengikuti protokol PROSPERO tanpa registrasi. Penelitian ini mendapatkan kelaikan etik dari RSUD Dr. Moewardi dengan nomor 77/III/HREC/2023.

HASIL

Jurnal yang sesuai dengan kunci pencairan sebanyak 22 jurnal diantaranya jurnal *free fulltext* dan menggunakan subyek manusia hanya 9 jurnal (gambar 2). Jurnal tersebut membahas mengenai penyakit keturunan (n = 3), database DNA (n = 2), laporan kasus (n = 2), dan membahas algoritma sekuen (n = 2).



Gambar 2. Alur pencarian dan penelitian menggunakan protokol PROSPERO (salah satu protokol sistematis review)

Penelitian tersebut kemudian ditelaah berdasarkan topik seperti teknik analisa DNA, subyek yang diambil, kegunaannya terutama dalam bidang keilmuan, banyaknya generasi yang diteliti dan teknik pencocokan (*matching test*) (tabel 1).

PEMBAHASAN

Mayoritas pengukuran dengan menggunakan kromosom Y untuk mengukur keturunan, namun dapat juga menggunakan kromosom lain dengan menggunakan sampel DNA dari masyarakat saat ini kemudian dicocokkan dengan database populasi leluhur. Pada umumnya metode ini digunakan untuk proses identifikasi hingga 3 generasi yaitu sekitar abad 16 (paling tua). Teknik pencocokan (*matching*) yang digunakan dapat langsung ataupun campuran dengan tidak langsung seperti *familial matching*.

Pemeriksaan DNA sudah sangat dikenal dan menjadi bagian kebutuhan hidup masa kini baik untuk kepentingan penelitian, administrasi publik ataupun kepentingan penyidikan. Genealogi DNA secara publik digunakan untuk melihat seberapa jauh tingkat kedekatan dengan keluarga mereka. Pemeriksaan genealogi DNA dapat membuka rahasia individu ataupun sosial yang berkaitan dengan keturunan, apakah berhubungan dengan adopsi atau anak diluar pernikahan dan lain sebagainya. Beberapa orang menggunakan pemeriksaan DNA untuk mengetahui informasi masa yang berkaitan dengan nenek moyang mereka. Oleh karena itu, hukum dan etik memiliki peranan penting dalam menentukan kapan, bagaimana dan dimana teknologi tersebut digunakan. Dalam kaitannya dengan kejahatan, pemeriksaan DNA mampu memberikan perlindungan terutama kaitannya dengan kejahatan berantai dengan bantuan metode penyelidikan lain yang menunjang. Adanya pemeriksaan DNA mampu meningkatkan kepercayaan bahwa pelaku tersebut betul-betul telah melakukan kejahatannya.

Individu yang hidup di daerah dengan tingkat kriminalitas tinggi lebih sering kecemasan akibat tingkat keamanan yang rendah. Menurut hierarki kebutuhan Maslow, manusia harus memenuhi kebutuhan dasarnya terlebih dahulu sebelum aktualisasi diri. Keamanan berada di tingkat kebutuhan dasar setelah kebutuhan pangan. Keamanan yang dimaksud bersifat keamanan pribadi, keamanan otorisasi sosial, keamanan dari pekerjaan dan peran pemerintahan. Pelaku kejahatan sendiri tidak

memandang ras, lingkungan ataupun usia. Mereka ada di semua lini dan semua budaya (Wickenheiser, 2022). Sehingga landasan etik dan hukum juga berlandaskan memaksimalkan pilihan yang menguntungkan dan meminimalkan kekhawatiran dengan sadar akan tindak kriminal.

Tabel 1. Analisa Deskriptif Jurnal Berdasarkan Topik

PENELITIAN		Wickenheiser	Bini <i>et al</i>	Ogundijo <i>et Wang</i>	Olsson <i>et al</i>	Clairhout <i>et al</i>	Kelleher <i>et al</i>	Hummel <i>et al</i>	Aaspollu <i>et al</i>	Alaiwi <i>et al</i>
Teknik Analisa DNA	Y-STR	v	v			v	v		v	
	autosomal DNA				v		v			
	germline					v	v	v		v
	X-chromosom	v					v			
	mt DNA	v		v			v			
Subyek	Ancient		v			v			v	
	Modern		v		v	v	v		v	v
	Database	v		v	v			v		
Kegunaan	identifikasi	v	v			v	v		v	
	Medis				v			v		v
	Hukum dan Etika	v								
	nilai ekonomik	v								
	lain-lain	v		v						
Keturunan (Generasi)	1	v		v	v					v
	2 - 3				v	v	v	v	v	v
	>3		v							
Teknik Pencocokan (Matching)	langsung	v		v	v		v		v	
	tidak langsung	v	v							
	mix	v				v		v		v

Genealogy DNA banyak digunakan dalam proses identifikasi, baik dalam penelusuran penyakit, pendidikan maupun dalam kasus forensik. Salah satu bentuk identifikasi adalah menentukan keturunan beberapa generasi. Konteks ini penting dalam kaitannya dengan pendidikan dan budaya yang mempelajari mengenai keturunan. Penentuan keturunan dari sisi DNA membantu mengerti pola dinamika populasi pada jaman dahulu kala, penampakan dan distribusi fentoip, hubungan familia, penentuan jenis kelamin dan penyebaran penyakit. Rute migrasi dan proses terbentuknya kekhasan penduduk berdasar demografi yang terjadi prehistori / sejarah masa lalu diketahui dari tren exogenik, kontribusi eksternal laki-laki, wilayah sosio klutur dan adanya isolasi geografis yang berpotensi membuat kode genetik antar individu hampir seragam (Aaspollu *et al*, 2021; Bini *et al.*, 2021).

Penentuan geneology DNA prehistori umumnya dengan menggunakan TMRCA (*time to the most revent common ancestor*). Parameter yang digunakan berkaitan dengan model mutasi, kecepatan mutasi, parameter lambda dan verktor analisa lokus. Model mutasi dapat menggunakan *stepwise mutasi model* (SMM) atau *infinite allele modele* (IAM). Vektor pun dapat menggunakan tipe matching dan tak matching atau menggunakan jumlah repeat tiap lokus. Apabila ingin melihat besar *observed value*, maka metode IAM lebih baik dari SMM. Namun kekurangan mendasar dari pemeriksaan DNA pada sampel jaman dahulu adalah tingkat keutuhan sampel. Sampel yang paling baik adalah yang berasal dari regio koklea tepatnya di kapsul otik tulang petrosa. Regio tersebut memiliki endapan DNA 50-100 kali lebih tinggi dibandingkan di gigi molar ataupun tulang panjang. Sehingga kualitas DNA dari sampel regio koklea lebih baik, jarang ada alel yang hilang dan jarang ada kontaminasi DNA manusia yang berasal dari luar tubuh (Bini *et al.*, 2021).

Salah satu penelitian DNA yang melakukan pencarian leluhur dan menjadi salah satu database leluhur adalah penelitian korban perang kemerdekaan Estonia (1918 – 1920). Sampel diambil dari gigi caninus dan molar 1 pada area kuburan massal yang tidak terurus di sekitar hutan dan rawa dengan tipe tanah asam (podzol) dan kedalaman makam sekitar 65 cm. Salah satu tengkorak memiliki dokumen yang lengkap sehingga dapat dicari serta dipastikan keturunannya tidak hanya berdasarkan DNA namun juga dari analisa antropologis. Pemeriksaan DNA menggunakan Y-STR dengan kalkulasi ‘Laplace’. Tingkat kecocokan mencapai 85% dalam 12 generasi dengan perbedaan sebesar 1-4,5% akibat dari pergantian nama keluarga, banyaknya asal leluhur, adopsi, dan perpindahan penduduk. Pada penelitian ini membuktikan bahwa Y-STR DNA dapat digunakan untuk 2 garis keturunan ayah dengan sampel gigi (Aaspollu *et al*, 2021).

Pemeriksaan DNA genealogis saat ini pun diperluas ke ranah penyakit. Mutasi gen WHRN dan TMC1 adalah DNA yang berhubungan dengan LQTS (*Long QT Syndrome*) hematoklomatosis, ketulian dan JLNS (*Jersel & Lange Nielsen Syndrome*). Pada penelitian Olsson (2017), keempat kondisi penyakit tersebut memiliki potensi diturunkan dan membentuk gejala bervariasi dengan mutasi pada gen yang sama dan lokus yang berbeda pada satu keturunan. Seperti diketahui JLNS adalah penyakit langka, namun pada satu waktu ditemukan berturut-turut pasien JLNS dan setelah diteliti memiliki keturunan yang sama. Begitu juga 81,7% pasien ketulian yang merupakan salah satu gejala yang muncul dari JLNS merupakan saudara sepupu yang berasal dari beberapa keturunan. Penelitian diatas diambil dari daerah *River Valley* di utara Swedia yang merupakan lokasi terisolasi sehingga kemungkinan penyakit yang muncul manifestasi dari penyakit herediter. Penelitian yang dilakukan Hummel *et al* (2019), meneliti mengenai mutasi alel rs55705857 dengan sampel database populasi negara bagian Utah. Hasil penelitian tersebut menyatakan bahwa mutasi alel tersebut realtif tetap ada hingga 3 generasi. Mutasi alel rs55705857 berisiko memiliki oligodendroglioma (100%), astrositoma grade rendah (70-80%) dan glioblastoma sekkunder. Kasus mutasi ini termasuk kasus langka. Pada penelitian lain, mutasi yang berbeda menunjukkan populasi tertentu dengan penyakit yang sama yaitu renal cell carcinoma (RCC). Gen FH P/LP merupakan karakteristik RCC di populasi Afrika sedangkan CHEK2 P/LP merupakan karakteristik RCC pada populasi bukan Afrika. Meskipun

ada 12 gen lain juga yang berkontribusi mempengaruhi terbentuknya RCC tersebut (Alaiwi *et al*, 2021).

Penggunaan database DNA diperlukan untuk meningkatkan efektifitas penyidikan sehingga mempercepat penyelesaian kasus. Bukti kasus tersebut harus bersifat rahasia dan spesifik sesuai kasus. Karena sifat tersebutlah database hanya dipergunakan sesuai dengan kepentingan kasus tersebut pada beberapa negara tertentu. Padahal dengan adanya database DNA dapat mengurangi pemeriksaan yang tidak perlu seperti pengulangan pengolahan data sampel individu yang sama. Namun kembali lagi, kepentingan database DNA bergantung pada negara, hukum dan manusia yang menggunakannya. Apabila database DNA ini dapat mendukung kebutuhan masyarakatnya dan masyarakatnya pun turut mendukungnya, maka pilihan tentu ada di tangan masyarakat itu sendiri. Segala pilihan baik yang pro maupun yang kontra didasari dengan pertimbangan, pengenalan, pengetahuan, diskusi dan debat yang baik. Persetujuan individu untuk pengumpulan database DNA pun maksimal (Wickenheiser, 2022).

China membuat database DNA dengan menunjukkan pentingnya database DNA dalam investigasi pelaku pemerkosaan dan pembunuhan berantai di China utara. Pelaku tersebut telah membunuh 11 orang wanita muda dan anak-anak. Penyelidikan melibatkan lebih dari 230.000 sidik jari dan 100.000 sidik DNA dan menunjukkan betapa beratnya penyidikan tersebut apabila tanpa adanya database DNA. Begitu juga dengan di Kanada yang menunjukkan pentingnya database DNA dengan menggunakan kasus pemerkosaan dan pembunuhan berantai (Wickenheiser, 2022). Kasus tersebut mayoritas merupakan kasus sensitif sehingga membutuhkan persetujuan keluarga dalam menjalankannya. Untuk itulah informasi database DNA sebaiknya bersifat pribadi dan tidak semua orang ataupun institusi dapat mengaksesnya.

Secara etik, pemeriksaan DNA dilakukan berdasarkan besarnya keuntungan dan risiko. Apabila memiliki efek yang buruk maka pemeriksaan DNA tidak dilakukan. Pasien juga perlu diberitahu mengenai cara pemeriksaan hingga kemungkinan hasil. Pemberian informed consent penting dilakukan pada pengambilan sampel baik melalui swab *buccal* maupun via pengambilan darah serta diberi tahu risiko yang muncul akibat pengambilan sampel tersebut meskipun risikonya minimal. Penggunaan pemeriksaan DNA yang digunakan untuk membandingkan kasus hukum perlu pertimbangan khusus karena merupakan informasi yang sensitif dan bisa jadi merupakan inti dari perkara hukum tersebut sehingga pasien atau individu yang diambil sampel perlu memahaminya dan diberikan kebebasan untuk memiliki apakah setuju dilakukan pemeriksaan DNA atau tidak. Perlu dipertimbangkan bagaimana penyampaian dan kemungkinan hasil yang tidak sesuai dengan ekspektasi terutama bagi pelaku kriminal dan tersangka. Mayoritas pelaku yang menyadari adanya pemeriksaan DNA dan menyadari meninggalkan jejak, menolak pemeriksaan tersebut. Oleh karena itu, penting pemeriksaan DNA tersebut dikawal oleh pihak kepolisian agar dapat melakukan pemeriksaan DNA. Kemudian bagaimana dengan pemeriksaan DNA yang mencari hubungan keluarga? Secara etik, pemeriksaan DNA yang mencari hubungan keluarga terutama keluarga jauh tanpa persetujuan yang jelas tidak diperbolehkan karena melanggar sifat kerahasiaan. Namun apabila hal tersebut untuk kepentingan yang lebih baik dengan estimasi efek kerusakan yang lebih besar maka konfidensialitas dapat dicabut atau sebagian ditutupi (Wickenheiser, 2022).

Pemeriksaan DNA dapat membantu penyelesaian kasus yang telah dibekukan. Di Negara bagian Louisiana, pemeriksaan DNA dilakukan untuk memecahkan kasus baik yang sedang terjadi dan juga kasus beku sebagai bagian proyek resolusi nasional Amerika Serikat tahun 2021. Penyelesaian kasus tersebut mayoritas efektif dan efisien terhadap kasus kekerasan seksual karena dinilai mampu mencegah terjadinya kasus kekerasan seksual dengan promosi data sampel menggunakan sampel semen di negara tersebut. Efektifitas pencegahan hanya dari sisi residivis mencapai 26,22% per penyelesaian kasus. Penyelesaian kasus khususnya kasus kekerasan seksual juga meningkat sebesar 44% di palm beach. Di detroit, pemeriksaan DNA membantu penyelesaian 785 kasus beku dari 1595

kasus yang diperiksa. Database CODIS telah menyelesaikan kasus beku yang berkaitan dengan kekerasan seksual.

Pemeriksaan DNA cukup mampu menurunkan bias dan konflik yang berhubungan dengan ras dan sosioekonomi (Wickenheiser, 2022). Manusia modern atau yang hidup saat ini mayoritas memiliki gen campuran dari berbagai tempat. Hal ini dibuktikan dengan tidak adanya manusia yang 99% berasal dari asal yang sama. Pluralitas tersebut yang akhirnya membentuk manusia modern dan dapat menurunkan bias akibat perbedaan fisik yang tampak. Penampilan fisik mungkin hanya sekian persen dari keseluruhan gen. Sebagai contoh artis yang sangat terkenal di Indonesia yaitu najwa shihab tampak seperti keturunan arab namun dari genetik mayoritas berasal dari keturunan china. Gen asal arab hanya menempati kurang dari 10% dari keseluruhan gen di area lokus garis keturunan tersebut (Kusuma, 2017). Di Inggris, orang kulit hitam, orang Asia, berdarah campuran China atau lainnya sering dicap sebagai pelaku kriminal dan lebih sering tertangkap dan mudah untuk tereksekusi. Sedangkan di Australia, anak-anak asli Australia 3 – 16 kali lebih sering menjadi tersangka dan 7 – 10 kali datang ke persidangan dibandingkan anak – anak bukan penduduk asli Australia. Anak – anak asli Australia 17 kali lebih sering masuk rehabilitasi sosial dan 23 kali ditahan dibandingkan anak-anak bukan asli Australia. Sedangkan orang dewasa asli Australia 12 kali lebih sering dipenjara daripada penduduk non Australia (Wickenheiser, 2022). Di negara Amerika Serikat, orang kulit putih yang mayoritas berasal dari Eropa memiliki kemampuan sosioekonomi yang lebih baik dibandingkan orang kulit hitam yang berasal dari Afrika atau penduduk asli Amerika itu sendiri. Stigma ini berhubungan dengan sejarah di dalam negara tersebut yang berlangsung bertahun-tahun. Tes DNA ini mampu menunjukkan bahwa gen yang ada dalam diri seseorang tidak hanya berasal dari gen orang kulit putih namun telah berpadu dengan gen orang kulit hitam sehingga diharapkan mampu menurunkan stigma tersebut. Dalam database DNA Amerika Serikat, orang kulit putih sebanyak 42,9%, orang kulit hitam 23,6%, Hispanik 23,2%, Asia 0,75%, penduduk asli Amerika 0,38% dan lainnya 0,8%. Populasinya sendiri orang kulit putih 62,04%, Hispanik 13,26, orang kulit hitam 13,26, Asia 5,63% dan penduduk asli Amerika sebesar 1,31%. Perbedaan persentase tampak pada populasi minoritas yang menunjukkan gap bahwa yang tampak fisik belum tentu menunjukkan gambaran asli berdasarkan presentasi DNanya (Wickenheiser, 2022).

Penurunan bias sosioekonomi dapat diturunkan dengan melihat asal muasal individu tersebut. Pada negara tertentu, kemampuan finansial dan budaya tampak berhubungan geografi (lokasi). Pemeriksaan ini mampu menentukan lokasi berdasarkan kesesuaian individu tersebut dengan lingkungan (Wickenheiser, 2022). Sebagai contoh lokus gen yang merujuk pada keturunan China di Amerika Serikat dapat membantu penyidik untuk memfokuskan pencarian di area *Chinatown* atau komunitas keturunan China lainnya.

Pemeriksaan DNA berguna pada kasus yang telah menjadi tulang belulang. Lokus tersebut mampu memberitau perkiraan ras/asal muasal jenazah tersebut. Pemeriksaan DNA juga dapat memberikan informasi mengenai jenis kelamin dan prakiraan usia saat meninggal sehingga dapat membantu penyidikan. Pemeriksaan DNA juga mampu mencari jejak pelaku apabila tercampur dengan DNA jenazah. Jenazah yang telah menjadi tulang belulang dapat berhubungan dengan kasus tidak terselesaikan ataupun kasus orang hilang (Wickenheiser, 2022). Dengan meningkatkan penyelesaian kasus tersebut, maka keamanan publik meningkat sehingga meningkatkan harapan hidup dan kepuasan masyarakatnya.

Cara kerja pemeriksaan DNA dalam mencari pelaku ada 2 yaitu langsung dan tidak langsung. Pemeriksaan langsung yaitu pengambilan sampel DNA korban dan tersangka yang kemudian dicocokkan. Analisa DNA dapat menggunakan kromosom Y, X dan autosomal. Selain itu juga dapat dilakukan dengan menganalisa mitokondria DNA. Analisa dengan menggunakan autosomal DNA dapat dilakukan dengan 2 cara yaitu dengan SNP (Single Nucleotide Polymorphs) dan WGS (Whole Genome Sequencing). Sedangkan pemeriksaan dengan kromosom X ataupun Y memiliki cara yang

berbeda dengan analisa autosomal karena berdasarkan dengan keturunan. Analisa dengan kromosom X dan mitokondria melihat garis keturunan dari keluarga Ibu (Matrilineal) sedangkan analisa dengan kromosom Y melihat garis keturunan dari keluarga bapak (Patrilineal) (Wickenheiser, 2022). Pemeriksaan MRCA (*the most recent common ancestor*) dapat melihat cabang keluarga baik dari lini bapak dan ibu berdasar sub-ras, jenis kelamin dan asal keluarga (Tabel 2). Pemeriksaan MRCA saja dinilai tidak efektif dan efisien karena adanya alur yang hilang dan penilaian berdasarkan probabilitas (Claerhout *et al*, 2018). Namun beberapa negara masih menggunakan pemeriksaan tunggal (MRCA, elektroforesis kapiler ataupun sekuen) saja untuk membantu arah penyelidikan dan mengumpulkan bukti terkait dan akhirnya secara tidak langsung masuk dalam database DNA (Kelleher *et al.*, 2019).

Tabel 2. Perbandingan teknik pencocokan (Wickenheiser, 2022)

Teknik	Partial Matching	Familial Searching	Genetic Genealogy	Other Indirect Matching
Alasan Penggunaan	Acak atau semi acak	Sesuai target	Sesuai target	Semua kepentingan forensik
Tipe DNA	STR	STR + Y-STR	STR + SNP (kalau STR tidak cocok)	Y-STR + Perbandingan STR dan analisa kinship
Pembanding	Antar sampel	Algoritma genealogy dengan kalkulasi statistik likelihood ratio (LR) berbanding dengan profil forensik	Semua profil di database dibandingkan dengan profil forensik diikuti dengan centomorgans (cM). Pencocokan tak langsung apabila nilai cM tinggi	Y-STR dibandingkan dengan profil forensik, hasil dibandingkan dengan autosomal STR dan analisis kinship, setelah itu keluarga sebaiknya menggunakan genetic genealogy
Estimasi sukses	Bervariasi tergantung kesamaan	20-25%	60% lebih	20% lebih
Penggunaan	Tergantung kasus, berhubungan dengan laboratorium khusus	Negara tertentu membolehkan, dilarang di negara Kolumbia, Jerman dan beberapa negara Eropa	Digunakan di Amerika Serikat, Kanada, Swedia. Dilarang di Jerman	Mayoritas laboratorium forensik

Penggunaan Y-STR banyak dilakukan pada penelitian yang berhubungan dengan genealogy DNA. Keuntungan dengan menggunakan Y-STR adalah kekuatan disriminasi tinggi, meningkatkan performa kimia, resolusi yang tinggi dan semua itu mampu meningkatkan diversitasi dari gen baik dari korban yang dikubur dari liang yang sama ataupun karena *false exclusion* akibat mutasi (Bini *et al.*, 2021). Namun penelitian lain menyebutkan bahwa analisa Y-STR tidak muncul atau hasil interpretasi salah apabila ada sequencing alel yang berulang dan identik serta terdapat mutasi yang banyak. Oleh karena itu, pemeriksaan STR biasanya membutuhkan tambahan pemeriksaan yaitu pemeriksaan *sequencing* ataupun pemeriksaan elektroforesis kapiler (Claerhout *et al*, 2018). Salah satu penilaian banyaknya mutasi dengan menilai kecepatan mutasi pada populasi dimana memiliki

rumus $4NeM$ untuk diploid dan $2NeM$ untuk haploid. Ne disebut sebagai ukuran efektif sebuah populasi dan M disebut juga mpg (mutasi per generasi) (Ogundijo *et Wang*, 2017).

Pemeriksaan elektroforesis melihat dari berat molekul gen. Umumnya dipakai pada kromosom autosomal yang memiliki berat molekul bervariasi, dan kurang efektif apabila memakai kromosom Y akibat adanya varian tersembunyi. Varian tersembunyi atau disebut juga modifikasi paralel (PM) adalah sekuen DNA yang berdiri sendiri dan keluar saat proses meiosis sehingga menghasilkan alel dengan jumlah dan sandi yang identik namun berasal dari garis keturunan yang berbeda (fenomena *homoplasy* atau evolusi konvergen). Varian ini dapat menyulitkan estimasi usia, merubah kecepatan perulangan dan merubah variasi alel yang unik dan reaktif. Alel dari varian tersembunyi memungkinkan menjadi kunci dari pemeriksaan DNA untuk melihat garis keturunan. Pemeriksaan elektroforesis kapiler dengan menggunakan kromosom Y tetap harus dikombinasi dengan pemeriksaan *sequencing* agar hasilnya lebih akurat dan tidak false positif, meskipun pada penelitian ini tambahan pemeriksaan *sequencing* tidak mampu membedakan lebih dari 3 varian tersembunyi akibat alel yang diulang terlalu panjang (Claerhout *et al*, 2018).

Penilaian kedekatan keluarga dapat ditentukan dengan melihat kecepatan perulangannya. Kecepatan perulangan umumnya berada diantara $10^{-4} - 10^{-2}$ /generasi (mpg) yang mana semakin kecil maka semakin dekat dengan tingkat kedekatannya. Sebagai contoh, saudara kandung dalam 1 ayah dan ibu memiliki nilai kecepatan perulangan sebesar 10^{-2} mpg . Kecepatan perulangan masing-masing gen berbeda tergantung dari panjang alel. Ukuran varian tersembunyi meningkat sesuai dengan banyaknya perulangan. Perulangan terpanjang pada sebuah penelitian adalah sebanyak 18,4 dan terpendek 14,3 perulangan. Garis keturunan ayah memiliki perulangan 7,7 kali lebih tinggi dibanding garis keturunan lainnya (Claerhout *et al*, 2018). Estimasi yang akurat dibutuhkan untuk melihat pengaruh varian tersembunyi pada tiap parameter dataset yang telah dibuat untuk menjawab pertanyaan – pertanyaan yang belum terjawab secara biologis seperti estimasi populasi yang berevolusi yang berhubungan dengan situasi sejarah, membantu mengerti proses mikroevolusi dan perbedaan kerurunan melalui analisis filogeografi, bisa mempengaruhi kondisi lingkungan yang dikombinasikan dengan data dokumen geologi dan membantu menjelaskan pola manusia modern, menelaah faktor lingkungan dalam membentuk pola filogeografi kontemporer, mempelajari homogenitas genetik organisme, klasifikasi spesies dan pembuktiannya, kontribusi *barrier* geografi dalam diversifikasi dan klasifikasi organisme (Ogundijo *et Wang*, 2017).

Pemeriksaan tidak langsung dilakukan dengan mengambil sampel DNA korban yang dicocokkan dengan database DNA. Pemeriksaan dengan metode ini membutuhkan pengumpulan database DNA yang dapat diakses oleh pihak yang berkepentingan. Pengumpulan tersebut akan lebih baik lagi apabila dilakukan secara terpusat secara regional atau bahkan nasional. Database DNA sudah banyak dikumpulkan, diolah dan diregistrasi terutama di negara-negara maju. Database 'CODIS (*Combined DNA Index System*)' bahkan sudah meregistrasi DNA berdasarkan jenis analisa DNA (X, Y, autosomal ataupun mitokondria) hingga mencapai 22 kromosom selain kromosom X dan Y. Pada bulan Oktober 2021, Badan Nasional Index DNA Amerika Serikat (NDIS) telah mengumpulkan data pelaku kriminal hingga 14.836.490 individu dengan keberhasilan membantu pemecahan kasus sebesar 51,37%. Database Inggris telah mengumpulkan sebesar 6.829.278 individu yang merupakan 10% dari total populasi dalam database DNA nasional Inggris per 31 Desember 2021. Database nasional DNA Selandia Baru memiliki 40.000 dari sampel forensik dengan tingkat kecocokan sebesar 70%. Sedangkan dalam database nasional China melaporkan telah mengumpulkan sebesar 80.000.000 lelaki termasuk lelaki yang tinggal di regio China utara, Mongolia Dalam (n sampel = 100.000). Negara-negara selain yang disebut juga telah memulai mengumpulkan database DNA. Pelaksanaannya bergantung pada kebijakan dan peraturan yang ada pada negara tersebut. Kebijakan yang diambil ada yang berdasarkan keamanan dan keselamatan publik, atas dasar Hak Asasi Manusia khususnya berkaitan dengan arah penyelidikan kasus baik hanya sebagai saksi atau

pun sebagai tersangka. Negara yang menjunjung pentingnya database memiliki konsep pemahaman bahwa hak individu dapat dikesampingkan demi keamanan publik. Sebagai contoh negara Uni Emirat Arab dimana salah satu kotanya yaitu Doha yang juga menerapkan kebijakan kewajibannya tes DNA bagi warganya menunjukkan bahwa Doha sebagai kota teraman selama dua tahun berturut-turut berdasarkan *Numbeo's Crime Index by City 2022 Report*. Namun tidak semua negara mampu mengumpulkan database DNA. Negara yang belum cukup baik pelayanan kesehatannya dan masih berjuang melawan kemiskinan akan memiliki kebijakan implementasi kebijakan DNA hanya berdasarkan keamanan dan kebutuhan pribadi. Sebagai contoh Kuwait pada tahun 2015 telah memulai pengumpulan database DNA secara nasional, namun pada tahun 2016 dibatalkan dengan alasan menyalahi aturan hukum konstitusi yang berlaku (Wickenheiser, 2022).

Jenis lain dari pemeriksaan DNA tidak langsung dilakukan ketika sampel DNA yang didapat secara langsung ataupun dilihat dalam database DNA tidak ada yang cocok. Pencocokan dapat dilakukan dengan mencocokkan dari sisi keturunan sampel DNA. Identifikasi keturunan dalam beberapa generasi merupakan hal yang rumit terutama dalam penentuan algoritma di database DNA. Hingga saat ini, algoritma yang ada hanya mencapai maksimal lima generasi dengan tingkat kesalahan yang makin meningkat per generasi. Hal ini dikarenakan adanya nilai yang hilang atau tidak berurutan, acak, adanya mutasi ataupun nilai yang bercampur akibat hasil pernikahan beda ras dalam satu lokasi geografikal yang sering disebut *phylogenetic networks*. Informasi dalam *network* tersebut memakai algoritma yang leluhurnya sudah diketahui dan hasil analisisnya telah dimasukkan ke dalam dataset yang telah dibagi berdasar model analisa DNA dan demografi. Rasio mutasi dengan rekombinasi pada program-program dataset diatur tinggi agar alel DNA leluhur tampak terlihat meskipun variasi leluhur mungkin akan tampak kurang. Kekurangan program dataset menunjukkan tingginya bias haplotype leluhur dengan yang sebenarnya akibat haplotype yang terlalu panjang. Proses penyalinan dapat memperbaiki bias tersebut hanya pada leluhur yang dikenal dengan jelas. Kemungkinan kesalahan genotyping bisa terjadi akibat dari penyalinan yang terlalu awal atau panjang alel yang terlalu pendek. Kekurangan lainnya adalah tidak efisien karena hanya dapat memproses sampel data sebesar 100 sampel / hari (Kelleher *et al.*, 2019).

Algoritma yang dipakai dalam dataset memakai 2 parameter yaitu parameter Watterson theta dan parameter Bayesian Computational (ABC). Parameter watterson theta memiliki karakteristik tingkat pemrosesan yang cepat namun sering false apabila evolusinya banyak. Namun hal ini dapat dikurangi dengan membandingkan sampel individu pada populasi artifisial yang jelas. Parameter Bayesian adalah parameter yang sering digunakan pada banyak komputasi. Estimasi dengan menggunakan parameter Bayesian sering universal dan tidak spesifik serta hanya efektif mengestimasi geneology dengan 1 garis keturunan. Pengenalan parameter ini penting, agar mengerti luas permasalahan dan pencapaian dari pemeriksaan DNA (Ogundijo *et Wang*, 2017).

Sampel DNA yang didapat di TKP dan diduga merupakan pelaku kejahatan terhadap korban dicocokkan dari garis lokus keturunannya kemudian dicari dari database yang mendekati garis keturunan (*germline*) tersebut. Lokus garis keturunan dapat dilihat baik pada kromosom X, Y ataupun autosomal. Hasil dari pencocokan umumnya menunjukkan hanya sebagian cocok. Semakin tinggi persentase kecocokkan (dibawah 98%) maka semakin dekat kedekatan keluarganya (saudara kandung). Insidensi pemeriksaan ini jarang pada kasus kepolisian namun sering dilakukan untuk kepentingan penelitian. Metode ini mampu mendeteksi keluarga dengan tingkat kekeluargaan 4 - 5 tingkat saudara jauh (dari 4 -5 diatas nenek moyang). Hasil pohon kekerabatan luas dengan melihat minimal 20 kode lokus STR. Waktu pemrosesan bukti dengan cara ini lebih lama namun terbukti mampu memecahkan kasus beku di Amerika Serikat dari tahun 1974 hingga tahun 2004. Pemeriksaan DNA metode ini juga mampu memecahkan kasus pembunuh berantai di *Suffolk County, New York* yang dilakukan oleh John Bitrolff. John Bitrolff yang telah membunuh dua orang wanita tersebut memiliki saudara kandung (Timothy Bittroff) yang tertangkap berkaitan dengan kasus lain yaitu

melanggar keamanan. Setelah hasil pencocokan DNA Timothy keluar tampak adanya kemiripan sebagian dengan DNA yang didapat pada sampel semen jenazah kedua wanita yang terbunuh. Setelah itu polisi melakukan penyelidikan pada keluarga dekat Timothy dan didapat John cocok dengan hasil DNA korban. John dianggap bersalah dan dipenjara selama 25 tahun (Wickenheiser, 2022).

KESIMPULAN

Pemeriksaan DNA sudah menjadi bagian dalam hidup masa kini. Masyarakat banyak yang sudah terpapar dengan DNA baik di tingkat individu maupun di tingkat institusi. Pemeriksa amatir maupun profesional geneologi DNA menggunakan pemeriksaan tersebut untuk melihat pohon keluarga mereka beserta faktor yang mempengaruhinya. Pemeriksaan geneologi DNA juga membuka rahasia individu ataupun sosial yang berkaitan dengan keturuna dan neberapa menggunakannya untuk mengetahui informasi masa lalu yang mencurigakan. Hukum dan etik memiliki peranan penting dalam menentukan kapan, bagaimana dan dimana teknologi pemeriksaan DNA tersebut digunakan. Meskipun dalam kaitannya dengan kriminalitas, pemeriksaan DNA menggunakan database DNA mampu memberikan perlindungan dan rasa aman terutama kaitannya dengan kekerasan seksual.

Pemeriksaan DNA juga dapat mengetahui adanya pengaruh gen yang berhubungan dengan keturunan khususnya pada penyakit langka seperti JLNS dan oligodendrioglioma. Beberapa penyakit dihubungkan dengan karakteristik dari ras tertentu seperti populasi Afrika yang menunjukkan mutasi CHEK2 pada penyakit Renal Cell Carcinoma (RCC).

Pemeriksaan DNA dapat digunakan untuk mengukur keturunan dengan sangat detail terutama pada sampel tulang namun masih banyak limitasi sehingga aplikasi di masyarakat menjadi sangat kurang. Secara teknis, hambatan dalam penentuan parameter dataset, pengumpulan database DNA, banyaknya generasi dan pertautan antar generasi dalam satu keturunan, kecepatan mutasi masih membutuhkan pengembangan. Efektifitas parameter dan alat pemeriksaan DNA khususnya dalam bidang genealogy hanya spesifik hingga 5 generasi saja.

DAFTAR PUSTAKA

- Aasp, A., Allmäe, R., Puss, F., Parson, W., Pihkva, K., & Kriiska-maiväli, K. (2021). *The Unique Identification of an Unknown Soldier from the Eustonian War of Independence*. *Genes*, 12, 1722. <https://doi.org/10.3390/genes12111722>
- Alaiwi, S. A., Nassar, A. H., Adib, E., Rana, H. Q., Gusev, A., Choueiri, T. K., Alaiwi, S. A., Nassar, A. H., Adib, E., Groha, S. M., Akl, E. W., & Mcgregor, B. A. (2021). Article Trans-ethnic variation in germline variants of patients with renal cell carcinoma II II Trans-ethnic variation in germline variants of patients with renal cell carcinoma. *CellReports*, 34(13), 108926. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2021.108926>
- Avila-Arcos M.C., Castro CF., Nieves-Colon MA., Raghavan M. (2022). *Recommendation for Sustainable Ancient DNA Research in the Global South : Voices From a New Generation of Paleogenomicists*. *Frontiers Genet*. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.880170> [accessed on 19 mei 2022].
- Bini, C., Cilli, E., & Sarno, S. (2021). *Twenty-Seven Y-Chromosome Short Tandem Repeats Analysis of Italian Mummies of the 16th and 18th Centuries : An Interdisciplinary*. 12(September). <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.720640>
- Claerhout S, Haegen vdM, Vangeel L, Larmuseau MHD, Decorte R. (2019). *A Game of Hide and Seq: Identification of Parallel Y-STR Evolution in Deep-Rooting Pedigrees*. *ESHG* 27, hh 637-646. <https://doi.org/10.1038/s41431-018-0312-2>
- Dewi PR., Habibi A., Sari RB. (2020). *Posisi Arsip dan Sejarah Keluarga Dalam Bidang Historiografi Indonesia*. *Jurnal Kearsipan*. Vol 15 no 1, hh 25-44. <https://doi.org/10.46836/jk.v15i1.148>

- Faiz M., Rosyanda UM., Zainiah, Saputro MFN. (2021). *Kepentingan Sejarah, Fungsi dan Hikmahnya Dalam Al-Quran. AHCS*. Vol 2 no 2 hh 85-96. <http://publisher.uthm.edu.my/periodicals/index.php/ahcs>. E-ISSN : 2773-4781
- Haegen, M. Van Der, Vangeel, L., Larmuseau, M. H. D., & Decorte, R. (2019). *A game of hide and seq : Identification of parallel Y-STR evolution in deep-rooting pedigrees*. 637–646. <https://doi.org/10.1038/s41431-018-0312-2>
- Hummel, S., Kohlmann, W., Kollmeyer, T. M., Jenkins, R., Sonnen, J., Palmer, C. A., Colman, H., Abbott, D., Cannon-albright, L., & Cohen, A. L. (2019). *The contribution of the rs55705857 G allele to familial cancer risk as estimated in the Utah population database*. 1–6. <https://doi.org/10.1186/s12885-019-5381-2>
- KBBI. <https://kbbi.lektur.id/silsilah> [accessed on 29 Mei 2022]
- Kelleher, J., Wong, Y., Wohns, A. W., Fadil, C., & Albers, P. K. (2020). *Europe PMC Funders Group Inferring whole-genome histories in large population datasets*. 51(9), 1330–1338. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0483-y>
- Kusuma P., Brucato N., Cox MP., Letellier T., Manan A., Nuraini C., et al. (2017). *The Last Sea Nomads of The Indonesian Archipelago: Genomic Origins And Dispersal*. *Eur J Hum Genet* 25, hh 1004-1010. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2017.88> [accessed 19 mei 2022]
- Ogundijo, O. E., & Wang, X. (2017). *Bayesian estimation of scaled mutation rate under the coalescent : a sequential Monte Carlo approach*. 1–15. <https://doi.org/10.1186/s12859-017-1948-6>
- Olsson, K. S., Wålinder, O., Jansson, U., Wilbe, M., Bondeson, M., Stattin, E., Raha-chowdhury, R., & Williams, R. (2017). *Common founder effects of hereditary hemochromatosis , Wilson ´ s disease , the long QT syndrome and autosomal recessive deafness caused by two novel mutations in the WHRN and TMC1 genes*. 1–11. <https://doi.org/10.1186/s41065-017-0052-2>
- Wickenheiser, R. A. (2022). Forensic Science International : Synergy Expanding DNA database effectiveness. *Forensic Science International: Synergy*, 4(March), 100226. <https://doi.org/10.1016/j.fsisy.2022.100226>
- Wohns AW., Wong Y, Jeffery B, Akbari A., Mallick S., Pinhasi R., Patterson N., et al. (2022). *A Unifies Geneology of Modern and Ancient Genomes*. *Science*. Vol 375 issue 6583. <https://doi.org/10.1126/science.abi8264> [abstracts] [accessed on 19 mei 2022]