

ABSTRAK

Perdebatan tentang migrasi atau jejak persebaran manusia di Indonesia sangat menarik untuk didiskusikan karena berbagai temuan Arkeologi dan Antropologi mengacu pada keanekaragaman manusia Indonesia. Banyak penelitian yang dilakukan untuk menjawab dan membuktikan keanekaragaman tersebut, salah satunya penelitian dari sisi variasi genetika pada suatu populasi. Bali merupakan pulau yang terletak di tengah gugusan kepulauan Indonesia, kemungkinan besar migrasi dan pencampuran antar populasi terjadi disana, terutama pada wilayah pesisir. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk melihat bagaimana variasi genetik pada 2 situs prasejarah di Bali yang terletak di wilayah pesisir, yaitu situs Semawang, Sanur, dan Situs Gilimanuk, Jembrana, Bali. Berdasarkan lokus *Short Tandem Repeats (STR)*, *combined DNA Index System (CODIS)* yaitu lokus “CTT”, lokus CSF1PO, lokus TP0X dan lokus TH01. Sampel dari penelitian ini menggunakan 6 sampel rangka manusia prasejarah, yaitu 3 rangka prasejarah dari Situs Semawang dan 3 rangka prasejarah dari Situs Gilimanuk. Metode penelitian menggunakan pemeriksaan PCR yang terdiri dari beberapa tahap yaitu pengumpulan bahan pemeriksaan, pengambilan sampel, isolasi DNA, proses PCR (*Polymerase Chain Reaction*), elektroforesis, analisis data dan pengambilan kesimpulan. Proses pemeriksaan STR dilaksanakan di Laboratorium Human Genetik ITD (*Institute of Tropical Disease*). Hasil dari penelitian ini berdasarkan analisis visualisasi lokus CTT, antar sampel pada Situs Semawang dan Situs Gilimanuk menyimpulkan bahwa, sampel berasal dari populasi yang berbeda dan analisis antar kedua situs menyimpulkan bahwa kedua populasi masing-masing situs berasal dari populasi yang berbeda. Hal ini menyimpulkan lebih jauh bahwa Bali telah mengalami pencampuran dari berbagai populasi pendatang.

Kata Kunci : Migrasi, Populasi Prasejarah, Lokus STR CODIS

ABSTRACT

The controvertion about migration or human dissemination's footstep at Indonesia is very interesting to discuss because Anthropology and Archeology findings refers to Indonesian people's diversity. Many research had been done to answer and prove that diversity, one is research from genetic variation at one population. Bali is a island that located at the middle of Indonesia's cluster of islands, most likely mixing among population going on there, especially at coastal area. The purpose of this research is to see how the genetic variation at 2 archeological site in Bali which located at coastal area, namely Semawang site, Sanur, and Gilimanuk site, Jembrana, Bali. Based on *Short Tandem Repeats* (STR) locus, combined DNA Index System (CODIS) namely "CTT" locus, CSF1PO locus, TP0X locus, and TH01 locus. This research sample used 6 samples of preshistoric man skeleton, those are 3 prehistoric skeleton from Semawang site and 3 prehistoric skeleton from Gilimanuk site. Research's method use PCR examination consisting of several step those are collecting the object checkup, take the samples, DNA isolation, PCR (Polymerase Chain Reaction) process, electrophoresis, data analysis and take conclusion. Checking up the STR held at ITD (Institute of Tropical Disease) human genetic laboratory. The result of this research based on the analysis of visualization CTT locus, inter samples at Semawang site and Gilimanuk site concluding that the samples came from the different population and analysis inter both sites conclude that the two population from each site came from the different population. It is concluded furthermore that Bali had been experienced the mixing from various comers population.

Keywords: *Migration, Prehistoric Population, STR CODIS Locus*