

KARAKTERISTIK GENETIK POPULASI KUNO PULAU BALI: SANUR DAN GILIMANUK

GENETIC CHARACTERISTICS OF BALI ANCIENT POPULATIONS: SANUR AND GILIMANUK

Naskah diterima:
09 Januari 2014

Naskah disetujui:
21 April 2014

Rusyd Adi Suryanto¹, Toetik Koesbardiaty^{2,4}, Delta Bayu Murti², Ahmad Yudianto^{3,4} & Anak Agung Putu Santiasa Putra⁵

¹ Laboratorium Bioantropologi dan Paleoantropologi, Fakultas Kedokteran Universitas Gadjah Mada (rusyd_suryanto@yahoo.co.id)

² Departemen Antropologi, Fakultas Ilmu Sosial dan Ilmu Politik Universitas Airlangga

³ Departemen Forensik dan Medikolegal, Fakultas Kedokteran Universitas Airlangga

⁴ Institute of Tropical Disease, Universitas Airlangga

⁵ Alumni Departemen Antropologi Fakultas Ilmu Sosial dan Ilmu Politik Universitas Airlangga

Abstrak

Penelitian migrasi dan penghunian manusia kuno di Indonesia masih memunculkan perdebatan sampai kini, baik dari perspektif antropologi biologis, genetika manusia atau arkeologis. Perdebatan itu selalu membuka ruang lagi untuk melakukan penelitian perihal itu. Kali ini kami berkonsentrasi dengan sampel Bali Kuno, yakni temuan sisa-sisa manusia dari Gilimanuk (Melaya, Jembrana) dan Semawang (Sanur, Denpasar). Bali merupakan pulau yang relatif terletak di tengah gugusan kepulauan Indonesia, di mana dapat mewakili jalur besar migrasi dan persebaran manusia menurut rute pulau-pulau busur luarnya. Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan variasi genetik manusia kuno dari dua situs arkeologis Bali itu. Berdasarkan lokus short tandem repeats (STR) combined DNA index system (CODIS), yakni CSF1PO, TH01 dan TP0X, penelitian ini mengambil sampel enam individu manusia Bali Kuno, yang meliputi masing-masing tiga individu Semawang dan Gilimanuk. Proses penelitian genetik itu telah dikerjakan di Laboratory of Human Genetics, Institute of Tropical Disease, Universitas Airlangga. Sampel Semawang dan Gilimanuk berasal dari populasi yang berbeda berdasarkan analisis visualisasi lokus CTT-nya. Hasil penelitian ini dengan merujuk semua kemungkinan aspek arkeologis dan antropologi biologisnya makin memperkaya khazanah pengetahuan tentang peristiwa migrasi manusia di Indonesia sekitar masa Neolitik, yang menjadi masa awal makin masifnya migrasi Mongoloid ke kawasan Nusantara. Hasil penelitian ini juga makin menguatkan hasil-hasil penelitian genetika populasi Bali sebelumnya bahwa populasi Bali dari sejak Neolitik sampai sekitar masa yang lebih resen diturunkan oleh banyak leluhur atau banyak sumber gen. Penduduk Bali telah mengalami percampuran genetik dari berbagai populasi pendatang sejak Neolitik atau awal Tarikh Masehi.

Kata kunci: Gilimanuk, Semawang, migrasi, lokus STR CODIS

Abstract

The study of ancient human migration and peopling in Indonesia still raises debate until now, both from the perspective of biological anthropology, human genetics or archaeological. The debate was always open space again to do some research about that. We concentrated with samples of ancient Bali, the findings of human remains from Gilimanuk (Melaya, Jembrana) and Semawang (Sanur, Denpasar). Relatively, Bali is an island located in the centre of Indonesian Archipelago, which may represent a major pathway of human migration and distribution according to the outer arc islands. The research aimed to describe human genetic variation of the two archeological sites of ancient Bali. Based locus short tandem repeats (STR) combined DNA index system (CODIS), which CSF1PO, TH01 and TP0X, the research took a sample of six individual human ancient Bali, which includes each of the three individual from Semawang and Gilimanuk site. The process of genetic research has been done at the Institute of Tropical Disease Laboratory of Human Genetics, Airlangga University. Semawang and Gilimanuk derived from different populations based on the analysis of its CTT loci visualization. The results with reference to all possible aspects of archaeology and biological anthropology further enrich the wealth of knowledge about human migration events in Indonesia around the Neolithic period, the

early times of increasingly massive mongoloid migrations to the Archipelago region. The results also further strengthen the results of previous genetic studies of Bali population. Balinese has undergone a genetic mixture of various immigrant populations since the Neolithic period.

Keywords: Gilimanuk, Semawang, migration, locus STR CODIS

1. Pendahuluan

Penelitian tentang rekonstruksi migrasi dan penghunian wilayah-wilayah dunia masih meletupkan keairahan bagi sebagian kalangan bioantropolog dan paleoantropolog sampai saat ini. Semangat ini selalu berlandaskan ingin memahami lebih baik sejarah perjalanan hidup manusia (*Homo sapiens*), yang sejauh ini masih lestari, dan sangat mempengaruhi perubahan lingkungan hidup di masa kini. Peristiwa itu tidak hanya melibatkan biologi manusianya saja, melainkan juga kebudayaan, penyakit, domestifikasinya dan lain sebagainya yang terkait dengan kehidupannya (Pusch *et al.*, 2003; Baca & Molak, 2008; Rizzi *et al.*, 2012). Oleh karena itu, aspek-aspek tersebut dapat digunakan untuk merekonstruksi migrasi dan penghunian populasi di suatu wilayah, termasuk kawasan Indonesia di masa lampau sampai kini (Jacob, 2006; Sukadana, 1984; Glinka, 1993; Suriyanto & Koesbardiati, 2012; Suriyanto *et al.*, 2008; Glinka & Koesbardiati 2007; Suriyanto, 2007; Suriyanto *et al.*, 2011; Koesbardiati *et al.*, 2012; Suriyanto *et al.*, 2012). Pengetahuan yang luas dan dalam tentang topik ini juga dapat diaplikasikan pada masalah-masalah kesehatan masa kini, misalnya melacak jejak evolusi,

persebaran dan pola penyakit pada suatu populasi, baik lokal, regional, interkontinental dan global (Suriyanto *et al.*, 2012). Pada tataran tertentu, ragam pilihan topik untuk merekonstruksi peristiwa itu ikut menyemarakkan keairahannya.

Dalam keairahan itu, kami memilih untuk meneliti DNA manusia kuno Bali. Bali menjadi konsentrasi penelitian ini karena merupakan pulau yang terletak relatif di tengah gugusan kepulauan Indonesia, di mana dapat mewakili jalur besar migrasi dan persebaran manusia seturut rute pulau-pulau busur luar Indonesia (Jacob, 2006; Sukadana, 1984; Suriyanto & Koesbardiati, 2012; Koesbardiati & Suriyanto *et al.*, 2007; Suriyanto *et al.*, 2008; Suriyanto 2011; Koesbardiati *et al.*, 2012; Suriyanto *et al.*, 2012).

Terkait dengan sejarah migrasi dan penghunian pada masa prasejarah, sekitar Pulau Bali dapat merupakan persimpangan jalur migrasi populasi manusia kuno di antara Asia Tenggara Daratan dan pulau-pulau Pasifik (Melton *et al.*, 1995; Kayser *et al.*, 2001; Karafet *et al.*, 2005; Kayser *et al.*, 2006; Suriyanto, 2007; Kayser *et al.*, 2008; Suriyanto *et al.*, 2008; Mona *et al.*, 2009; Karafet *et al.*, 2010; Koesbardiati *et al.*, 2012). Dalam

pola ayunan pendulum, seperti konsep yang diajukan Koesbardiati & Suriyanto (2007), maka Bali terletak pada persimpangan wilayah ayunan ke timur dan ayunan kembali ke barat (Koesbardiati & Suriyanto, 2007; Suriyanto & Koesbardiati, 2012). Hal ini juga telah dibuktikan dari pola modifikasi gigi-giginya (Suriyanto & Koesbardiati, 2010; Suriyanto *et al.*, 2011, Suriyanto *et al.*, 2012). Beberapa peneliti menduga migrasi yang datang dari utara juga melalui wilayah sekitar Bali (Karafet *et al.*, 2005; Karafet *et al.*, 2010). Seperti yang diungkapkan oleh Cox *et al.* (2010) dan Lansing *et al.* (2011) bahwa variasi genetik di Bali tinggi, dan sekaligus sebagai petunjuk lain bahwa diduga ada akulturasi dan *admixture* yang memberikan kontribusi terhadap variasi genetik populasi Indonesia.

Analisis DNA kuno (*ancient* DNA, aDNA) telah menjadi modus penelitian yang semakin populer dalam evolusi manusia, antropologi biologis, paleoantropologi dan arkeologi (Keyser-Tracqui & Ludes, 2005). Pendekatan ini kadangkala rumit oleh sifat terdegradasi dari asam nukleat kuno, kehadiran inhibitor enzim dalam ekstrak aDNA dan risiko kontaminasi selama penggalian atau manipulasi sampelnya. Meskipun kesulitan-kesulitan itu seringkali mengiringi, namun berbagai metode telah dikembangkan oleh para ilmuwan beragam disiplin, khususnya mereka yang meminati genetika kuno, untuk

mengoptimalkan pemulihan, penelitian dan otentikasi aDNA-nya. Seperti juga Witas (2001) yang telah mengisyaratkan bahwa penelitian DNA terekstraksi dari spesimen arkeologis merupakan jalan baru bagi penelitian yang menarik yang dapat memberikan bukti yang unik untuk menangani pertanyaan-pertanyaan arkeologis. Di sini penelitian seperti ini dapat memberikan gambaran tentang studi kasus terkenal dalam sejarah penelitian arkeologis, yang menggunakan data genetika yang diambil dari spesimen arkeologis untuk membuat interpretasi tentang masa lalu. Yang juga menarik adalah variasi dalam urutan DNA, terutama manusia, karena kesimpulan yang dapat ditarik dari penelitian dengan metodologi itu dapat menjelaskan lebih luas bagaimana perjalanan evolusi, migrasi dan demografi kita. Selain itu, penelitian ini juga dapat menjelaskan bagaimana DNA kuno berbeda dari DNA modern dan, dengan demikian, mengapa hanya beberapa penanda genomik tertentu biasanya ditargetkan dan mengapa protokol telah dikembangkan secara eksplisit untuk penelitian laboratoriumnya. Kami menghadirkan prosedur yang digunakan dalam laboratorium kami, seperti telah disarankan oleh Yang & Watt (2005), untuk mengekstrak dan memperkuat segmen informasi DNA dari sampel manusia prasejarah atau protohistoris, serta mungkin dapat menyumbangkan

tindakan pencegahan dan penerapan strategi untuk menghindari atau setidaknya mendeteksi jika terjadi kontaminasi pada koleksi bahan penelitian dari lapangan.

Variasi genetika manusia ditentukan oleh variasi DNA-nya sebagai cetak biru yang memastikan karakteristik biologis seorang individu, di mana sangat dipengaruhi oleh urutan nukleotida yang disandi dalam struktur DNA-nya. Bila seorang individu mempunyai kekerabatan dekat dengan seorang individu lain atau kelompok individu di suatu wilayah dengan wilayah lain, bisa berupa suatu politipisme dan polimorfisme, maka tingkat persamaan informasi genetiknya akan tinggi pula. Variasi ini tentu saja sangat ditentukan oleh mutasi, rekombinasi dan migrasi gen dari satu lokasi ke lokasi lainnya. Penanda molekuler mengandalkan karakteristik DNA yang dapat diterapkan untuk mengidentifikasi variasi genom pada berbagai tingkat organisme. Pengembangan dan penerapannya untuk mendeteksi dan mengidentifikasi DNA polimorfisme merupakan bagian perkembangan paling signifikan dalam bidang genetika molekuler. Kemajuannya sampai ke masa kini dapat membantu analisis dalam penelitian evolusi dan migrasi manusia, bahkan spesimen-spesimen paleontologis, bioarkeologis, museum, medis dan forensik (Hermann & Hummel, 1994). Variasi dalam urutan DNA-nya menyumbangkan akurasi yang sangat

tinggi karena tidak mampu diamati oleh penanda genetik lain, apalagi sebagian besar variasi di tingkat nukleotidanya acapkali tidak mampu diamati pada tingkat fenotipenya. Keunggulan penanda berbasis DNA ini dibandingkan penanda morfologis dan biokimiawi adalah bersifat diwariskan, relatif mudah diuji dan relatif tidak terpengaruh lingkungan. Keuntungan berikut yang signifikan dalam analisis molekuler sisa-sisa manusia masa lampau adalah bahwa data genealogisnya yang dihasilkan terkait langsung dengan kondisi saat itu. Keuntungan lainnya adalah penelitian pada tingkat genotipenya dapat langsung diujikan daripada fenotipenya; di mana bagian DNA yang berbeda itu dapat berevolusi dengan kecepatan yang berbeda sehingga bagian yang tepat dapat dipilih untuk penelitian dan analisis selanjutnya, dan dapat dipakai untuk memperjelas filogeni, paternitas dan genealogis atas spesimen atau temuan sisa-sisa biologis.

Betapa akuratnya metode itu, yang merupakan pengembangan dari ilmu dan teknologi genetika, seyogyanya penelitian *ancient human DNA* acapkali memperhatikan lingkungannya, karena lingkungan berandil memberikan analisis lebih luas dan dalam atas hasil penelitian laboratoriumnya yang sekedar berupa data penanda-penanda genetik itu. Oleh karena itu, sejak beberapa dekade yang lalu, Cavalli-Sforza *et al.* (1988) telah mengingatkan bahwa untuk

merekonstruksinya hendaklah bersama data arkeologis dan linguistiknya. Secara garis besar, menurut mereka, bahwasannya jarak-jarak genetik di antara hampir semua kluster populasi dunia adalah proporsional terhadap waktu-waktu separasi arkeologisnya; sedangkan keluarga linguistiknya menunjukkan paralelisme yang cukup nyata di antara evolusi genetik dan linguistiknya.

Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan bagaimana karakteristik genetik dari temuan sisa-sisa manusia kuno Semawang (Sanur, Denpasar) dan Gilimanuk (Melaya, Jembrana) berdasarkan lokus *short tandem repeats (STR) combined DNA index system (CODIS)*, yakni CSF1PO, TH01 dan TP0X.

Penelitian ini telah menerapkan metode loci STR (*short tandem repeat*) polimorfik. nDNA merupakan parameter identifikasi yang utama karena tingkat spesifitas dan sensitivitas yang sangat tinggi. Genom nDNA memiliki bagian-bagian yang berfungsi untuk mengkode protein (*coding region*) dan ada pula yang tidak berfungsi mengkode protein (*non-coding region*). Pada *coding region* atau *non-coding region* terdapat perbedaan antar individu, yang diakibatkan dari mutasi yang berlangsung dari generasi ke generasi. Mutasi pada yang pertama dapat membawa perubahan pada rangkaian asam amino yang dihasilkan. Perubahan ini dapat bersifat netral (tidak ada dampak) atau berdampak negatif (adanya penyakit).

Mutasi pada yang kedua tidak memiliki pengaruh terhadap kehidupan. Oleh karena itu, peristiwa yang kedua itu dapat menguntungkan karena dapat melihat variasi genetik antar individu lebih banyak dibandingkan yang pertama. Yang kedua merupakan satelit karena terletak dekat atau di sekitar yang pertama. Salah satu satelitnya adalah *microsatellite (STR)* yang dibagi menurut panjang dan pengulangan urutan DNA-nya. Di sini STR bersifat polimorfisme DNA yang dapat digunakan untuk identifikasi, karena STR daerah DNA dengan pengulangan unit 2 – 6 bp yang berulang beberapa kali, sehingga secara teknis mudah untuk diteliti, dan apalagi STR berada pada semua kromosom (Butler, 2005: 58). Metode ini adalah suatu cara mengamati penanda-penanda genetik berbasis PCR (*the polymerase chain reaction*) yang paling informatif terhadap upaya untuk individuasi material-material biologis (Budowle *et al.*, 1995; Bosch *et al.*, 1999; Budowle *et al.*, 1999; Biondo *et al.*, 2001).

Budowle *et al.* (2001) menegaskan bahwa kita dapat memanfaatkan potensi penuh dari locus STR itu untuk memilih dan menetapkan lokus intinya untuk indeks DNA, yakni CODIS (*combined DNA index system*). Tiga belas loci CODIS STR resultan adalah CSF1PO, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, FGA, TH01, TPOX, dan VWA. Salah satu hasil utama dari upaya ini adalah memberikan

landasan yang kokoh untuk memperkirakan frekuensi profilnya (Sun *et al.*, 2003). Hasil upaya itu tentu berkaitan dengan sifatnya, yakni lokus STR CODIS memiliki karakteristik yang unik dalam jumlah allele pada setiap populasi di dunia, sekuen pengulangannya, ataupun mikrovarian allele yang ditemukan (Butler, 2005). Dalam penelitian ini hanya digunakan CSF1PO, TH01 dan TPOX (CTT) sebagai variabel.

Tiga lokus CSF1PO, TH01 dan TPOX itu memiliki frekuensi allele yang relatif tinggi di beberapa populasi di dunia (da Silva *et al.*, 2002; Abdin *et al.*, 2003; Barbarii *et al.*, 2003; Al-Obaidli *et al.*, 2009; Gonzales-Herrera *et al.*, 2010; da Costa Francez *et al.*, 2011). Sueblinvong & Kongrisook (1999) menerapkan 8 STR CODIS pada populasi Thailand, dan memperoleh frekuensi allele 8 sebagai frekuensi tertinggi pada lokus TPOX, dan berikut allele 8 untuk CSF1PO dan 12 untuk TH01. Penelitian menggunakan sembilan lokus STR termasuk lokus CTT-nya juga dilakukan pada populasi Italia; dan hasilnya menunjukkan frekuensi allele yang cukup tinggi, yakni CSF1PO pada allele 12, TPOX pada allele 8 dan TH01 pada allele 6 (Biondo *et al.*, 2001). Lokus CSF1PO, TH01 dan TPOX berturut-turut memiliki allele 12, 9,3 dan 8 dalam pengujian paternitas populasi Silesia (Raczek *et al.*, 2001). Yasin *et al.* (2005) meneliti perbandingan frekuensi allele pada populasi Jordan dengan Syria, Arab

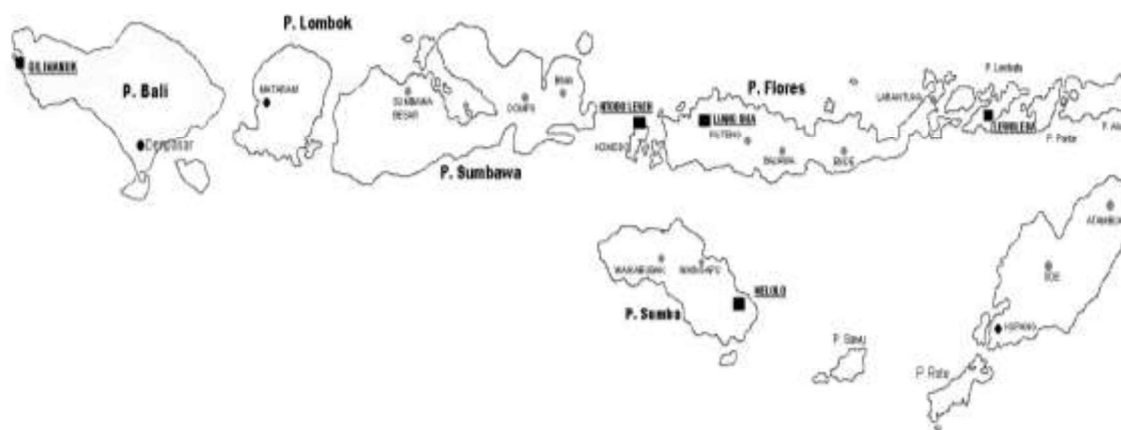
Saudi, Iraq, Kuwait, Ashkenzi, Malta dan Iran dengan menggunakan sembilan lokus STR, termasuk lokus CTT-nya. Hasil penelitiannya adalah bahwa lokus CTT-nya memiliki frekuensi allele yang cukup tinggi pada allele 10 untuk lokus CSF1PO, allele 8 untuk lokus TPOX dan allele 6 untuk lokus TH01. Penelitian itu sebenarnya hanya ingin menguji ulang atas keraguan oleh hasil penelitian sebelumnya yang menerapkan 15 STR CODIS, di mana pada lokus CTT-nya termasuk memiliki frekuensi allele yang cukup tinggi, yakni TPOX pada allele 8 dengan frekuensi 0,395. Dengan menggunakan sembilan lokus STR, Castro *et al.*, (2007) menemukan bahwa lokus CTT populasi Ngobe dan Embera di Panama masing-masing berlokus TH01 pada allele 6 dan 8, dan lokus TPOX pada allele 11 dan allele 6, serta lokus CSF1PO pada kedua allele 12. Erkol *et al.* (2007) melaporkan bahwa lokus CSF1PO penduduk permukiman kuno di wilayah barat laut Turki memiliki frekuensi allele 11 yang merupakan tertinggi pada penelitian STR dengan menggunakan metode AmpFISTR. Di Sri Lanka penelitian polimorfik STR CODIS pernah dilakukan dengan menguji sembilan lokus, termasuk lokus CSF1PO, TH01 dan TPOX. Lokus CTT-nya memiliki frekuensi allele yang tinggi dibanding dengan lokus lain, yakni CSF1PO pada allele 12, TH01 pada allele 9 dan TPOX pada allele 9 (Manemperi *et al.*, 2009). Tug *et al.* (2010) meneliti

distribusi allele pada populasi Bolu dengan menerapkan 16 lokus STR menemukan bahwa lokus CSF1PO pada allele 12, lokus TPOX pada allele 8 dan THO1 pada allele 6 memiliki frekuensi allele tertinggi. Singkatnya, seperti pernah diutarakan oleh Butler (2005), pada setiap penelitian variasi genetika manusia selalu menguji lokus CTT-nya karena memiliki keberagaman genetik yang tinggi.

Perbandingan frekuensi allele juga pernah dilakukan pada tiga populasi di Asia, yakni Jepang, Bangladesh dan Indonesia, dengan menggunakan empat lokus STR CODIS. Hasilnya menunjukkan bahwa di Indonesia frekuensi allele tertinggi pada allele 8 pada lokus TPOX dan allele 7 pada lokus THO1 (Kido *et al.*, 2003). Di Indonesia pernah dilakukan penelitian STR CODIS pada suku Jawa dan Madura dengan menggunakan 13 STR CODIS termasuk lokus CTT-nya, pada lokus CSF1PO allele yang sering muncul allele 8, lokus TPOX allele 9 dan THO1 allele 9 (Prastowo & Listiani, 2012). Penelitian serupa pernah dilakukan dengan menggunakan tiga populasi yaitu Jawa (Jakarta dan Surabaya), Sulawesi (Makassar) dan Sumatra (Medan), dan

menemukan bahwa lokus THO1 memiliki frekuensi allele yang cukup tinggi pada allele 7 dan allele 9 (Linarce *et al.*, 2001). Penelitian pada populasi yang sama pernah dilakukan dengan menggunakan 13 lokus STR CODIS, dan hasilnya adalah pada lokus CSF1PO memiliki frekuensi tertinggi pada allele 12, lokus TPOX memiliki frekuensi tertinggi pada allele 8 (Untoro *et al.*, 2009).

Awalnya masing-masing serpihan tulangnya dibuat bubuk dengan menggunakan *mortar*. Proses berikut mengikuti prosedur yang telah umum dilakukan STR CODIS untuk mendeteksi dari setiap lokus CSF1PO, THO1 dan TPOX. Data genetik dalam penelitian ini merupakan hasil pemeriksaan yang berupa visualisasi dari pita atau *band* yang terdeteksi dari setiap lokus tersebut. Kemudian visualisasi itu dianalisis berdasarkan terdeteksinya pita pada kolom sampel, letak pita pada batas basepair setiap lokus, ketebalan pita dan adanya pita ekstra yang berada di luar batas basepair lokusnya.



Gambar 1. Situs-situs Bali dan situs-situs di bagian timurnya dalam deretan pulau-pulau busur luar Indonesia

2. Hasil dan Pembahasan

1. Situs dan Sisa Rangka Manusia

Penelitian ini bersifat pendahuluan, sebagai usaha untuk mendeteksi variasi genetika populasi bermaterikan *ancient human bones*. Oleh sebab itu, sementara ini kami hanya mencobakan terhadap tiga loci untuk melihat kemungkinan penelitian lebih lanjut. Penelitian ini telah dilakukan di Laboratory of Human Genetic, Institute of Tropical Disease (ITD) Universitas Airlangga. Bahan penelitian adalah serpihan-serpihan rangka prasejarah individu-individu Semawang dan Gilimanuk, Bali. Serpihan-serpihan ini dipilih yang paling minor, dengan sangat memperhatikan aspek konservasinya. Serpihan-serpihan yang menjadi sampel ini diharapkan tidak akan terlalu mengganggu dan dapat digantikan dengan bahan-bahan pengganti yang lazim jika upaya rekonstruksinya terwujud. Perlakuan dan tindakan invasif yang dilakukan untuk kajian tertentu tidak harus menghambat kajian-kajian masa depan

dengan menggunakan teknik yang berbeda, misalnya upaya pelestarian material-material tulang dan gigi tidak akan mengganggu penelitian-penelitian DNA-nya (Alfonso & Powell, 2007). Serpihan tulang ini berasal dari enam individu rangka manusia, yang merupakan hasil ekskavasi di Situs Semawang, Sanur, Denpasar dan Situs Gilimanuk, Melaya, Jembrana. Seluruh sampel merupakan koleksi dari Laboratorium Bioantropologi dan Paleoantropologi Fakultas Kedokteran, Universitas Gajah Mada, Yogyakarta. Sampel Semawang itu berturut-turut adalah individu R. IX SMW, R. XII SMW dan R. XV/SMW; dan sampel Gilimanuk itu berturut-turut adalah individu R. XI GLM, R. SXXXVI GLM dan R. CXIV GLM.

Situs Semawang terletak di sebelah timur dari Prasasti Blanjong, sekitar 6 km di sebelah tenggara Kota Denpasar, bagian dari Banjar Semawang, Desa Semawang, Kelurahan Sanur, Kecamatan Denpasar Selatan, Daerah

Tingkat II Kota Madya Denpasar, Bali. Secara Geografis, situs terletak $8^{\circ} 27' 12''$ Bujur Timur dan $8^{\circ} 42' 19''$ Lintang Selatan (Astawa & Harkantiningasih, 1984; Suatika, 2000; Ambarawati, 2001). Sebelum Situs Semawang ditemukan, daerah Sanur merupakan wilayah penting bagi penelitian arkeologis karena penemuan Prasasti Blanjong. Prasasti ini berbentuk sebuah tiang batu dengan tinggi 177 cm dan garis tengah 63 cm (Astawa, 1991; Suatika, 2000; Ambarawati, 2001). Prasasti ini memuat angka tahun candra sengkala Saka *bda sari wahni murtiganita* sama dengan 835 Saka. Selain peninggalan prasasti juga ditemukan beberapa buah arca ganesa, arca perwujudan, arca terakota, arca binatang, keramik, gerabah dan lainnya (Ambarawati, 2001).

Awalnya situs ini ditemukan secara tidak sengaja oleh I Nyoman Giri dari Banjar Semawang, Sanur pada waktu menggali tanah untuk membuat pondasi rumahnya pada tanggal 12 Maret 1984; di mana didapati sisa-sisa rangka manusia dengan bekal kubur keramik dan gelang perunggu (Astawa & Harkantiningasih, 1984; Astawa, 1991; Suatika, 2000). Balai Arkeologi Denpasar menindaklanjuti penemuan tersebut dengan melakukan ekskavasi sampai sembilan kotak ekskavasi secara bertahap pada tahun 1986 dan 1988 (Astawa, 1991).

Sanur merupakan daerah pantai dengan ketinggian kurang dari 4 meter dari permukaan laut, dan karakteristiknya

berupa tanah bercampur pasir lepas, batu pasir dan cangkang kerang (Harkantiningasih, 1987). Situs ini berada pada areal tanah lapang yang ditumbuhi rerumputan dan pepohon kelapa, serta di sebelah barat, timur dan selatan arealnya terdapat rumah-rumah penduduk, hotel dan toko (Harkantiningasih, 1987; Suatika 2000). Sekitar situs telah banyak dibangun hotel-hotel dan restoran sebagai penunjang daerah pariwisata sekarang. Pantai Sanur juga berfungsi sebagai dermaga para nelayan dan pelabuhan yang menghubungkan Pulau Bali dengan Pulau Nusa Penida dan Nusa Lembongan (Harkantiningasih, 1987; Suatika 2000; Ambarawati, 2001).

Perdagangan sudah dikenal oleh masyarakat prasejarah, baik yang dilakukan antar pulau Indonesia hingga antara Kepulauan Asia Tenggara dan Indonesia. Indonesia sudah mengadakan kontak dagang dengan Cina sekitar abad 3 – 4 M (Astawa, 1991). Mengingat daerah Sanur sejak abad 10 M merupakan tempat yang sangat penting di Bali, maka beberapa kapal dagang Cina yang menuju Timor atau Maluku juga menyinggahinya. Mereka singgah untuk mendapatkan ketersediaan air minum, bahan makanan dan kebutuhan keperluan pelayarannya. Mereka juga relatif betah berlama di Sanur karena terdapat Pulau Nusa Penida dan pulau-pulau lainnya yang terletak sebelah timurnya, yang mencegah terjadinya gelombang besar dari laut. Keadaan ini

memungkinkan terjadinya interaksi dagang di antara pedagang Cina dan Bumiputera (Astawa, 1991); bahkan boleh jadi, berangsur-angsur dapat terjadi difusi/akulturasi budaya di antara mereka – misalnya dapat dibuktikan dengan tari Baris Cina yang bersifat sakral (Ida Ratu Tuan), dan hanya terdapat di daerah Renon, Sanur (Astawa, 1991; Ambarawati, 2001). Mereka memilih melalui jalur yang lebih lama, karena dapat berjualan sambil bersinggah di setiap pelabuhan yang mereka lewati (Astawa, 1991).

Lapisan geologis kotak ekskavasi situs Semawang, meliputi lapisan humus berwarna hitam, lapisan pasir kasar berwarna putih dan lapisan pasir halus berwarna kuning (Astawa, 1991; Suastika, 2000; Ambarawati, 2001). Temuan-temuannya berupa gerabah, keramik asing, manik-manik, perunggu, sisa-sisa rangka manusia dan hewan, benda logam (uang kepeng, pisau, jarum dan gelang perunggu) dan kerang (Astawa, 1991; Suastika, 2000; Ambarawati, 2001). Pada ekskavasi tahap I tahun 1986, keramik yang berhasil ditemukan berjumlah 83 buah, terdiri atas 5 buah utuh dan 78 berupa fragmen. Ekskavasi tahap II tahun 1988, keramik yang berhasil dikumpulkan berjumlah 133 buah, terdiri atas 22 buah utuh dan 111 buah berupa fragmen. Keramik-keramik ini sebagian besar berasal dari Dinasti Sung-Yuan (abad 10 – 14 M) (Astawa, 1991). Ragam keramik yang ditemukan berupa mangkuk, piring,

guci, cepuk, cawan, pot bunga, buli-buli dan tempayan (Astawa & Harkantiningasih, 1984; Astawa, 1991).

Berdasarkan ciri-ciri bentuk umum kubur, temuan sisa-sisa rangka Semawang merupakan kubur primer, karena memperlihatkan susunan tulang masih dalam hubungan anatomis (Suastika, 2000). Pola penguburannya berdasarkan keletakan rangka adalah membujur Barat Daya – Timur Laut dengan kepala berada di Timur Laut, sedangkan arah hadap rangka, menghadap Utara, Selatan dan atas; sedangkan posisi rangka terlentang dengan posisi tungkai dan kaki dirapatkan, dan kedua tangan ditangkupkan di anterior coxaenya, atau boleh jadi awalnya untuk menutupi bagian kelaminnya (Herkantiningasih, 1987). Pola kubur juga meliputi peletakan bekal kubur terhadap rangka-rangkanya, antara lain pada bagian kepala dan telapak kakinya diletakkan mangkuk keramik, pada bagian kelaminnya diletakkan mangkuk keramik dan cawan serta pada depan wajahnya diletakkan bingkai cermin (Herkantiningasih, 1987; Astawa, 1991). Kecenderungan arah hadap mereka membujur ke arah matahari terbit dan terbenam. Secara etnografis, orientasi membujur dengan kepala menghadap ke matahari terbit dianggap sebagai awal mula kehidupan; sedangkan membujur ke matahari terbenam karena manusia yang mati dianggap produktifitasnya telah menurun; bahkan

pada temuan sebuah rangka Kotak B01, B1, C01 dan C1 Spit 4 menghadap ke laut, yang dapat ditafsirkan bahwa individu ini berasal dari luar Bali, yang datang melalui jalur pantai (laut) (Suastika, 2000).

Sisa-sisa manusia Semawang memiliki karakteristik Mongoloid, Kaukasoid dan Australomelanesoid. Satu hal yang menarik adalah salah satu dari mereka yang berafiliasi Australomelanesoid bermodifikasi gigi yang hampir sama dengan yang umum ditemukan pada populasi Mongoloid. Boleh jadi, bukti ini dapat mengindikasikan telah terjadi peristiwa akulturasi budaya di antara populasi Australomelanesoid yang lebih dahulu menghuni Indonesia dengan populasi Mongoloid yang datang bergelombang kemudian (Koesbardiati *et al.*, 2011).

Gilimanuk adalah salah satu situs arkeologis penting di Bali. Gilimanuk adalah situs kubur prasejarah pada masa Paleometalik yang mempunyai antikuitas sekitar 2000 tahun (Soejono, 1995; Supriyo, 1991b; Yuliati, 1997; Suriyanto, 2012). Situs ini terletak di tepi pantai Gilimanuk, Kelurahan Gilimanuk, Kecamatan Melaya, Kabupaten Jembrana. Situs ini sangat kaya dengan temuan sisa-sisa manusia, baik yang dikubur secara langsung maupun sekunder dalam tempayan. Hasil pertanggalan C^{14} terhadap tulang-tulang manusianya telah ditemukan umur 1486 – 2466 tahun, sedangkan terhadap arangnya telah

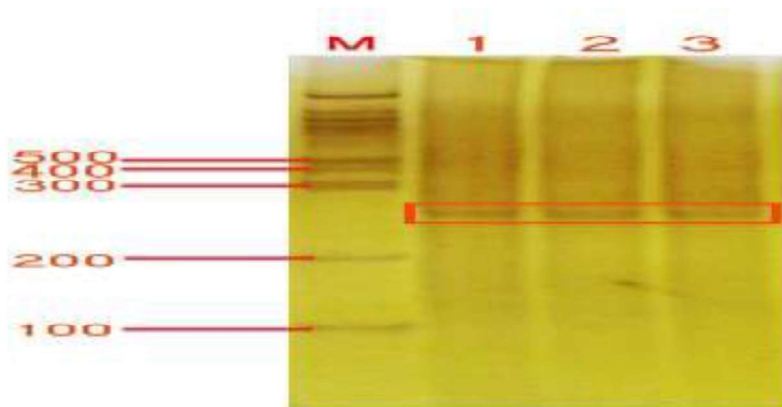
ditemukan umur 1805 – 1990 tahun (Azis *et al.*, 1994). Letak situs berada pada bagian selatan dari Teluk Gilimanuk, dengan posisi koordinat $114^{\circ} 26' 57''$ – $114^{\circ} 29' 10''$ Bujur Timur dan $8^{\circ} 9' 3''$ – $8^{\circ} 12' 59''$ Lintang Selatan, serta merupakan semenanjung kecil yang diapit Teluk Prapat Agung (Azis, 1996). Situs ini juga berbentuk alam satuan morfologis daratan pantai dengan stratigrafi satuan batu gamping, batupasir gampingan, endapan teras pantai I – II, dan pasir berlumpur yang meliputi luas 2 km^2 (Yuliati, 1997; Azis, 1996). Sisa-sisa rangka manusianya ditemukan pada satuan endapan aluvial teras pantai yang tersebar di sebelah timur Teluk Gilimanuk, di mana mengikuti garis pantai secara lateral dan membentuk undak-undak secara vertikal (Azis, 1995, 1996). Penelitian dari tahun 1964 sampai kini telah dibuka 37 kotak ekskavasi, dan terkumpul 123 individu rangka manusia dari usia bayi sampai dewasa; serta dengan bekal kubur berupa beberapa gerabah, manik-manik, benda logam, cangkang kerang dan sisa binatang (Azis, 1995; Yuliati, 1997). Beberapa posisi penguburan telah ditemukan di sini, meliputi posisi terlentang tanpa wadah, posisi fleksi, dan penguburan dalam tempayan; di mana beberapa diantaranya terdiri dari dua tempayan yang disusun menangkup mulut dengan mulut. Sebagian kecil temuan telah didapatkan dari penguburan primer tanpa wadah,

sedangkan yang lain dari penguburan sekunder dalam tempayan, serta gabungan dari penguburan primer dan sekunder (Azis, 1995; Yuliati, 1997).

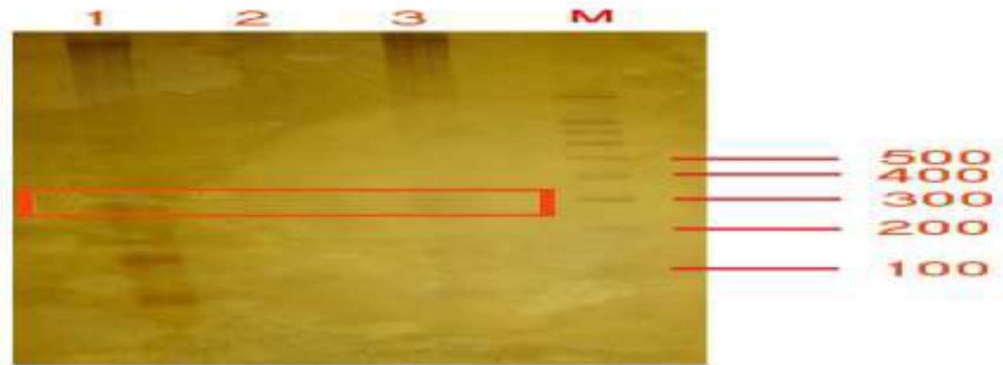
2. Variasi Genetik Populasi di Bali

Gambar 2 menegaskan lokus CSF1PO terdeteksi pada kolom 1, 2 dan 3-nya, berada pada posisi hampir sejajar di antara batas 295 – 327 bp. Mereka berpita genotip homozigot. Pitanya yang terdeteksi berketebalan hampir sama; dan tidak terdeteksi pita ekstra pada ketiga kolomnya. Gambar 3 menegaskan pita terdeteksi pada kolom 1 dan 3-nya, dan berada pada posisi hampir sejajar dengan marker 300 bp, ini sesuai dengan daerah lokus CSF1PO antara 295 – 327 bp. Kedua pita memiliki genotip homozigot,

karena kedua allelenya terletak saling berdekatan. Pada kolom 2, pita tidak terdeteksi; namun kolom 1 dan 3 terdapat beberapa pita ekstra yang terdeteksi. Pita pada kolom 1 lebih tebal dibanding pita kolom 3. Lokus CSF1PO merupakan pengulangan tetranukleotida yang ditemukan dalam c-fms proto-oncogene untuk reseptor CSF-1 pada lengan panjang kromosom 5 (5q33.3-34). Lokus ini berukuran antara 295 – 327 basepair. Allele yang umum mengandung pengulangan inti (*core sequence repeat*) T-A-G-A dan rentang allele berukuran 7 hingga 15 (Butler, 2005).



Gambar 2. Visualisasi hasil PCR lokus CSF1PO Semawang, Sanur (Keterangan: M= Marker; 1= R. IX SMW; 2= R. XV SMW; 3= R. XII SMW; lokus CSF1PO = 295 – 327 bp)

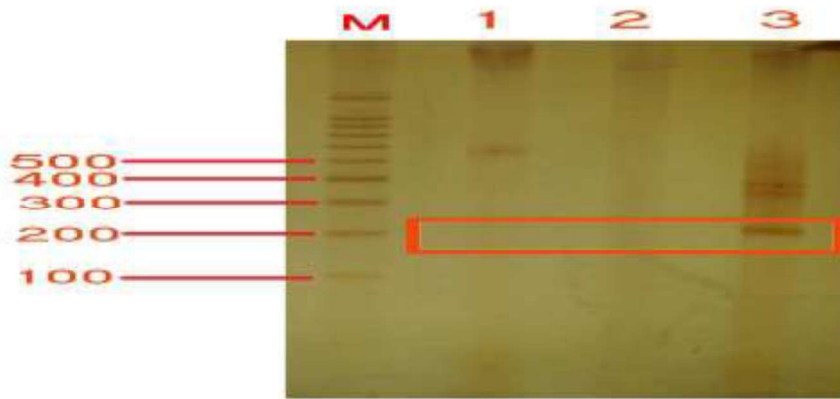


Gambar 3. Visualisasi hasil PCR lokus CSF1PO Gilimanuk
(Keterangan: M= Marker; 1= R. SXXVI GLM; 2= R. XI GLM; 3= R. CXIV GLM; lokus CSF1PO = 295 – 327 bp)

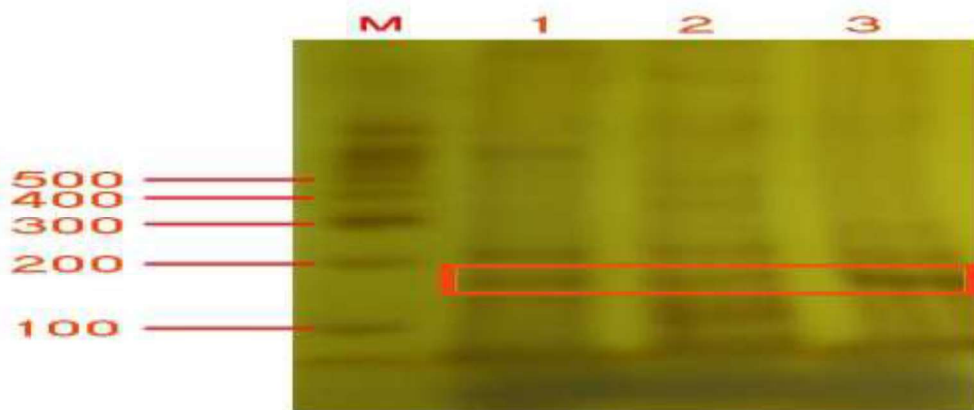
Gambar 2 lokus CSF1PO terdeteksi pita pada ketiga kolom sampelnya, dengan posisi hampir sejajar, hal ini mengindikasikan bahwa ketiga sampel memiliki variasi genetik yang tinggi antar sampel atau tidak memiliki kedekatan hubungan dalam satu populasi, namun mungkin berada pada satu wilayah di Semawang. Gambar 3 terdeteksi pita pada pada kolom 1 dan kolom 2-nya. Pita berada pada basepair yang berbeda dan kekerapan yang berbeda. Petunjuk mengarah bahwa sampel kolom 1 dan kolom 2-nya memiliki variasi genetik yang tinggi atau berasal dari kelompok populasi yang berbeda namun berada pada satu wilayah Gilimanuk. Jika kedua visualisasi dari situs Semawang dan Gilimanuk di bandingkan, terlihat bahwa pita kedua sampel berada pada basepair yang 56 berbeda namun tetap pada batas basepair lokus CSF1PO antara 295 – 327 bp. Di sini dapat disimpulkan bahwa populasi Semawang dan Gilimanuk berasal dari

kelompok populasi yang berbeda dan memiliki kekerapan yang jauh berbeda.

Gambar 4 menegaskan lokus TH01 hanya terdeteksi pada kolom 3-nya, yakni pada sampel R. XII SMW. Posisi pita berada sedikit di atas 200 bp, pita pada kolom 3 memiliki genotip homozigot. Kolom 1, 2 dan 3-nya terdapat pita ekstra yang tidak sesuai dengan batas basepair lokus TH01. Gambar 5 memperlihatkan bahwa pada kolom 1, 2 dan 3-nya terdeteksi pita di bawah 200 bp. Terlihat samar bahwa pita terletak pada garis sejajar tidak beraturan. Ketiga kolom memiliki genotip homozigot, karena letak allele yang saling berdekatan seolah terlihat bertumpukan. Ketiga kolom sampel memiliki ketebalan yang berbeda antara pita yang satu dengan yang lain. Pita pada kolom 3-nya paling tebal di antara pita yang lain. Posisi terdeteksi pita sesuai dengan daerah lokus TH01, yakni di antara 179 – 203 bp. Pada kolom 1, 2 dan 3-nya terlihat pita ekstra yang tidak sesuai dengan batas basepair lokus TH01.



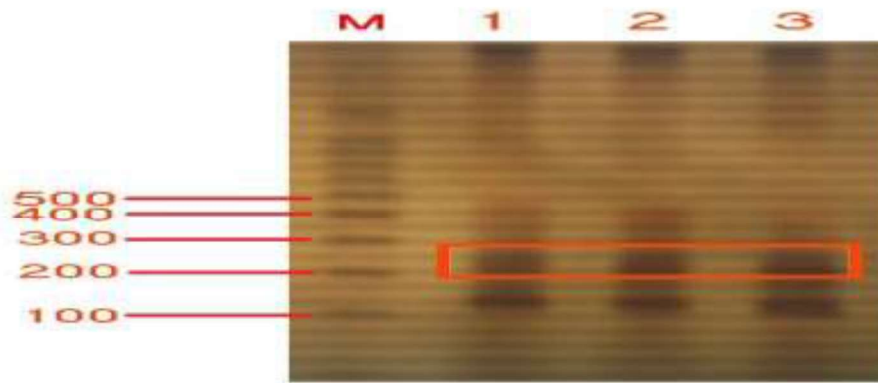
Gambar 4. Visualisasi hasil PCR lokus TH01 Semawang, Sanur
(Keterangan: M= Marker; 1= R. IX SMW; 2= R. XV SMW; 3= R. XII SMW; lokus TH01 = 179-203 bp)



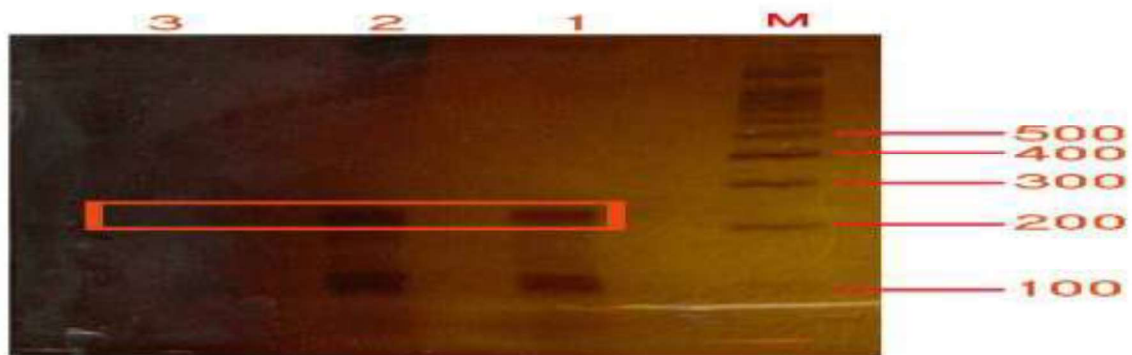
Gambar 5. Visualisasi hasil PCR lokus TH01 Gilimanuk
(Keterangan: M= Marker; 1= R. SXXVI GLM; 2= R. XI GLM; 3= R. CXIV GLM; lokus TH01 = 179-203 bp)

Berdasarkan letak posisi pita lokus TH01 pada Gambar 5 dapat disimpulkan bahwa ketiga sampelnya memiliki variasi genetik yang signifikan. Mereka memiliki kekerapan yang tidak sama dan berasal dari populasi yang berbeda atau lebih jauh mereka telah mengalami percampuran dengan populasi lain. Gambar 4 menunjukkan hanya satu pita pada kolom

3. Di sini tidak dapat dikatakan bahwa ketiga sampel memiliki hubungan kerabat atau tidak dalam satu populasi Semawang. Jika Gambar 4 dan 5 dibandingkan, maka terlihat pita terdeteksi pada letak basepair yang berbeda, artinya kedua populasi berasal dari kelompok populasi yang berbeda.



Gambar 6. Visualisasi hasil PCR lokus TPOX Semawang, Sanur
(Keterangan: M= Marker; 1= R. IX SMW; 2= R. XV SMW; 3= R. XII SMW; lokus TPOX = 224 – 252 bp)



Gambar 7. Visualisasi hasil PCR lokus TPOX Gilimanuk
(Keterangan: M= Marker; 1= R. SXXVI GLM; 2= R. XI GLM; 3= R. CXIV GLM; lokus TPOX = 224 – 252 bp)

Gambar 6 mendeteksi 3 pita pada pada 3 kolom yang terletak sesuai batas basepair lokus TPOX, hasil ini sama seperti visualisasi CSF1PO pada Gambar 2 yang mendeteksi 3 pita hampir sejajar. Maka kesimpulan yang dapat ditarik adalah ketiga sampel memiliki kekerapan yang tidak sama dan tidak memiliki hubungan kerabat yang dekat dalam suatu populasi Semawang. Gambar 7 mendeteksi 2 pita pada kolom 1 dan kolom 2, dengan posisi hampir sejajar. Ini

sungguh sama dengan visualisasi lokus THO1 pada Gambar 2, yang berarti

semakin menguatkan indikasi bahwa sampel pada ketiga kolom memiliki kekerapan yang tidak sama serta tidak memiliki hubungan kerabat yang dekat dalam suatu populasi Gilimanuk. Apabila dikomparasikan Gambar 6 dan 7, maka TPOX Gilimanuk dan Semawang dapat disimpulkan bahwa kedua populasi adalah populasi yang berbeda, karena pita terdeteksi pada basepair yang berbeda, namun tetap berada pada batas basepair lokus TPOX.

Deskripsi hasil elektroforesis (*electrophoresis*) menunjukkan sebagian besar sampel yang diperiksa genotipnya

pada loci CSF1PO THO1 dan TPOX adalah homozigot. Semua sampel Semawang dan Gilimanuk ini menunjukkan *band*/ pita dengan allele yang berbeda-beda. Bukti ini menegaskan bahwa mereka mempunyai afinitas atau kekerabatan genetik yang tidak sama, atau gen mereka berasal dari beberapa populasi. Sekalipun hanya tiga lokus yang diperiksa, hasil ini dapat diarahkan pada pola *admixture* sebagai dampak dari migrasi. Dengan demikian, pemeriksaan dan analisis molekuler berikutnya akan memberi harapan lebih banyak mengenai pola migrasi yang tercermin dalam variasi genetiknya.

Secara geografis, Pulau Bali merupakan bagian dari gugusan pulau-pulau yang menghubungkan pulau-pulau di bagian timur dan bagian barat Indonesia. Dari aspek Garis Wallace (*Wallace's Line*), Pulau Bali bisa jadi merupakan batu loncatan migrasi dari utara. Dengan demikian sangat dimungkinkan bahwa Pulau Bali dilalui jalur-jalur migrasi sehingga telah terjadi *admixture* pada populasi Pulau Bali masa itu. Sebagai konsekuensi dari hal ini adalah telah terjadi peristiwa heterogenitas, atau dengan kata-kata lain, ada variasi genetik dalam populasi Bali. Seberapa tinggi variasi tersebut belum dapat dipastikan di dalam penelitian ini karena penelitiannya masih bersifat pendahuluan dengan jumlah *locus* yang masih terbatas.

Berdasarkan penelitian *Y-chromosome* penduduk Pulau Bali saat ini, Karafet *et al.* (2005) menyimpulkan bahwa penduduk Pulau Bali ("asli") saat ini adalah hasil percampuran dari berbagai elemen. Pengaruh paling awal terhadap *paternal gene pool* di Bali saat itu berasal dari *pre-Neolithic hunter-gatherer*. Gelombang migrasi masa Neolitik ini bersifat jamak, bukan *single migration*, dan melalui beberapa rute. Pengaruh berikutnya adalah ekspansi Mongoloid (*Austronesian farmer*). Pengaruh yang terakhir berasal dari masa sejarah yaitu ketika kontak antara India mulai intensif. Hal ini dapat diketahui dari banyaknya serapan kebudayaan India termasuk Hindu yang bertahan hingga sekarang. Kontak dagang, persebaran agama dan kolonisasi Belanda juga berperan penting pada *paternal gene pool* di Bali. Hasil penelitian Karafet *et al.* (2005) ini memperkuat penelitian sebelumnya oleh Handoko *et al.* (2001) berdasar variasi mtDNA pada populasi Indonesia. Hasil penelitian itu menunjukkan bahwa variasi genetika dalam populasi Indonesia berasal dari berbagai populasi sekitar masa lalu itu. Shepard *et al.* (2005) telah meneliti 15 loci STR atas 338 *unrelated individuals* dari penduduk Ami dan Atayal di Taiwan, Bali dan Jawa di Indonesia, dan Samoa. Penelitian mereka menegaskan bahwa selalu ada derajat variasi genetik di antara sumber gen utama Australomelanesoid dan Mongoloid di antara mereka, yang

berarti selalu ada saling pengaruh atau cetak biru di antara mereka, yang dipengaruhi oleh berbagai intensitas proses migrasi dan kontak kultural. Bahkan hasil penelitian mtDNA berikutnya oleh Lie *et al.* (2007) makin memperkokoh temuan-temuan tersebut.

Xu *et al.* (2012) telah melakukan penelitian molekuler terkait dengan dugaan adanya korespondensi antara populasi Asia dan Papua yang dipengaruhi oleh ekspansi Austronesia ke wilayah Asia Timur. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa *co-existence* di antara Asia dan Papua terjadi di sekitar Indonesia bagian timur. Melton *et al.* (1995); dan Mona *et al.* (2009) telah mengisyaratkan peristiwa ini berdasarkan hasil penelitiannya terhadap hubungan-hubungan mtDNA di antara populasi Asia dan Pasifik. Bahkan Mona *et al.* (2009) menambahkan argumentasinya dengan yakin tentang sejarah percampuran genetik populasi-populasi Indonesia Timur di kepulauan kawasan Nusa Tenggara Timur dan Timor Leste; dan ini makin memberi terang bukti penelitiannya ini. Mereka telah menegaskan bahwa kawasan ini merupakan *genetic melting pot* antara populasi Austronesia (Mongoloid) dan Melanesia (Australomelanesoid). Kawasan ini sebelumnya telah dihuni populasi non-Austronesia, yang kemudian lambat-laun bercampur dengan populasi Austronesia. Dalam hal apapun, komponen-komponen genetik mereka telah muncul dalam semua

kelompok populasi kawasan ini tanpa memandang bahasa mereka saat ini. Di sini mereka telah menunjukkan sejarah panjang percampuran genetik di Nusa Tenggara Timur dan Timor Leste beserta kawasan sekitarnya. Hal ini memberi peluang bahwa pengaruh tersebut juga ada hingga di Bali, mengingat bahwa Pulau Bali adalah salah satu mata rantai jalur migrasi dalam gugusan pulau busur luar Indonesia menuju wilayah timur Indonesia dan Pasifik (Sukadana, 1984; Glinka, 1993; Kayser *et al.*, 2001; Bird *et al.*, 2004; Cox, 2005; Kayser *et al.*, 2006; Suriyanto *et al.*, 2006; Suriyanto, 2007; Kayser *et al.*, 2008; Kayser *et al.*, 2008; Cox *et al.*, 2010; Koesbardiati *et al.*, 2012; Suriyanto & Koesbardiati, 2012, Suriyanto *et al.*, 2012). Bahkan Jinam *et al.* (2012) memperkirakan antikuitas migrasinya, berdasarkan model migrasi genetica populasi dari Asia ke gugusan pulau busur luar Indonesia menuju wilayah-wilayah timurnya itu, telah berlangsung sekitar 30.000 – 10.000 tahun sebelum Tarikh Masehi.

Lansing *et al.* (2011) telah menunjukkan hubungan kebudayaan dan genetica dalam peristiwa ekspansi Austronesia ke Asia Tenggara Kepulauan. Mereka meneguhkan bahwa distribusi genetik NRY (kromosom Y) dan mtDNA (mitochondrial DNA) menunjukkan adanya korelasi, bahwa pengaruh migrasi dan perkawinan dapat menghasilkan perubahan bahasa yang bersifat seismik

dan pergeseran genetik. Mereka menunjukkan tengarnya bahwa diskontinuitas bahasa dan genetika ini telah terjadi di sekitar kawasan Bali sampai Flores. Mereka sebenarnya juga berkolaborasi atas penelitian sebelumnya, baik di dalam Cox *et al.* (2007) maupun Kayser *et al.* (2008), yang secara garis besar menunjukkan bahwa sebagian besar mtDNA di dalam populasi Polinesia berasal dari Asia; dan sebagian besar kromosom Y yang mencapai 94% di dalam populasi Melanesia berasal dari Polinesia, sedangkan mtDNA-nya berasal dari Asia Timur; dan 66% kromosom Y di dalam populasi Polinesia berasal dari Melanesia. Di sini jadi makin menarik dengan memperhatikan apa yang telah diungkapkan oleh Laland *et al.* (2010), bahwa perkembangan manusia telah dibentuk oleh interaksi gen dan kebudayaan. Oleh karena itu, kebudayaan berperan dalam proses itu karena kebudayaan memungkinkan mereka beradaptasi relatif tepat terhadap perubahan-perubahan lingkungan dengan cara imitasi, yakni meniru kebudayaan populasi lain yang sudah lebih dulu mempratekkan dan berhasil mengatasi tantangan lingkungannya. Kebudayaan ini dalam tahap tertentu dapat memberikan pengaruh terhadap laju frekuensi suatu allele dalam menanggapi seleksi alam atas lingkungannya tersebut. Mona *et al.* (2007) telah membuktikan asumsi itu sebelumnya atas keanekaragaman variasi genetik

penduduk kawasan Kepala Burung, Papua Barat, bahwa sebenarnya sejarah kromosom Y-nya merupakan sejarah lokal dengan beberapa kontribusi eksternal (Austronesia) yang telah dipengaruhi oleh berbagai hambatan karena proses migrasi dan kultural. Pengaruh tersebut dapat mempercepat atau memperlambat suatu frekuensi allele tertentu. Perkembangan lebih jauh, menurut Henrich & Henrich (2006), populasi tersebut akan cenderung berbagi gen yang sama kepada para anggota populasi dalam satu genealogisnya. Wajarlah jika populasi Bali pada sekitar masa Neolitik mengalami diskontinuitas genetik, yang berarti ada variasi genetik di dalamnya.

Bali menurut Karafet *et al.* (2005), terletak di dekat pusat rangkaian kepulauan bagian selatan dalam kawasan Kepulauan Indonesia, yang berfungsi sebagai batu loncatan awal untuk migrasi ke kawasan-kawasan yang lebih jauh. Mereka juga telah berupaya untuk menunjukkan dengan piranti genetiknya bahwa variasi genetik pada kromosom Y populasi Bali dapat memberikan kontribusi relatif untuk upaya kelompok pemburu-pengumpul menuju ke Melanesia dan Australia, dan untuk migrasi-migrasi para petani Austronesia yang lebih kini yang berasal dari daratan Asia Tenggara yang menuju Pasifik. Di sini mereka lebih investigatif, dan berkesimpulan bahwa para petani Austronesia dan pemburu-pengumpul Pra-Neolitik berperan terhadap

gene pool paternal kontemporer mereka. 71 polimorfisme biner kromosom Y (polimorfisme nukleotida tunggal, SNPs) dan 10 STR kromosom Y-nya telah bergenotipe atas sebuah sampel 1989 kromosom Y dari 20 populasi yang mewakili Indonesia (termasuk Bali), Cina Selatan, Asia Tenggara, Asia Selatan, Timur Dekat dan Oseania. Penanda genotipe SNP mengungkapkan 22 garis keturunan mereka, yang mana tiga di antaranya (O-M95, O-M119, dan O-M122) terjadi pada hampir 83,7% kromosom Y-nya. Analisis filogeografik telah menunjukkan bahwa ketiga haplogroup kromosom Y utama ini telah bermigrasi ke Bali bersamaan dengan kedatangan para penutur Austronesia, namun pola-pola keanekaragaman STR yang terkait dengan haplogroup ini sangat kompleks dan dapat dijelaskan oleh beberapa gelombang ekspansi Austronesia ke Indonesia melalui jalur-jalur yang berbeda. Sekitar 2,2% kromosom Y kontemporer mereka (yakni, garis-garis keturunan K-M9*, K-M230 dan M) telah dapat merepresentasikan komponen *gene pool* paternal Indonesia Pra-Neolitik. Kenyataan ini menunjukkan bahwa ekspansi Austronesia memiliki suatu efek mendalam dalam komposisi *gene pool* paternal populasi Bali. Bukti ini memperkuat dan mempertegas bukti-bukti morfologis rangka dan gigi-giginya (Suprijo, 1985).

Karafet *et al.* (2010) berdasarkan penelitian kromosom Y menunjukkan

bahwa *gene pool* paternal secara tajam membagi dua wilayah antara barat dan timur kawasan busur luar Kepulauan Indonesia, dengan batas yang berjalan di antara Pulau Bali dan Flores. Kelompok Timur sangat erat kaitannya dengan garis keturunan Melanesia, dan mungkin mencerminkan gelombang awal kolonisasi di wilayah tersebut; sedangkan sebagian besar Kelompok Barat terkait dengan haplogroup yang mungkin masuk ke Indonesia selama Paleolitik dari daratan Asia. Lebih lanjut, dua penanda (P201 dan P203) menyumbangkan secara signifikan meningkatnya resolusi filogenetik dua haplogroup kunci (O-M122 dan O-M119) yang sering dikaitkan dengan ekspansi Austronesia. Bukti ini telah membawa kepada pemahaman untuk mengemukakan model kolonisasi empat tahap, di mana migrasi-migrasi para pemburu-pengumpul Paleolitik membentuk struktur utama dari keanekaragaman kromosom Y Indonesia masa kini, dan ekspansi para pendatang Neolitik membuat hanya suatu dampak minor dalam *gene pool* paternal-nya, meskipun dampak kultural ekspansi Austronesia ini begitu besar.

Langsing *et al.* (2004) membawa bukti kuat telah terjadi migrasi ke Pulau Bali dari India berdasarkan analisis mtDNA sebuah gigi isolasi yang ditemukan *in situ* dalam suatu ekskavasi di situs Sembiran, yang berdasarkan analisis arkeometri radiocarbon AMS-nya merujuk 2050 ± 40

BP (Ardika & Bellwood, 1991). Sembiran merupakan situs pantai utara Bali, yang berdasarkan temuan-temuan arkeologisnya diduga kuat telah terjadi kontak yang relatif lama dengan India. Mereka telah menjalin perdagangan yang relatif dinamis, dengan banyaknya temuan artefak tembikar bertipe Arikamedu (Ardika *et al.*, 1997). Bahkan Ardika & Bellwood (1991) menegaskan jika kontak awal itu telah berlangsung sekitar 2000 tahun yang lalu. Bukti analisis genetik itu memperkuat bukti-bukti arkeologisnya. Jika kontak itu telah terjalin relatif lama, kita dapat menduga telah masuk gen-gen baru dalam komposisi populasi Bali. Bahkan, bisa jadi, gen-gen India itu sendiri, sebagian saja atau keseleruhan, relatif telah bercampur dengan gen-gen dari populasi lain.

Sekali lagi, Karafet *et al.* (2005) membawa ketegasan dengan kesimpulannya bahwa populasi Bali sekarang hanya membawa 2,2% Y chromosome komponen *gene pool* leluhur Neolitiknya, 12% *gene pool* migran India dan sebagian besar sisanya merupakan gelombang beruntun populasi Austronesia. Seperti yang telah dikemukakan sebelumnya, bahwa selama Paleometalik karakteristik Mongoloid makin kuat menekan karakteristik Australomelanesoid dalam populasi Gilimanuk, dan terus memperkuat proses mongoloidisasi dalam kurun-kurun sesudahnya di kawasan sekitarnya (Jacob, 2006; Sukadana, 1984; Glinka, 1993; Suriyanto & Koesbardiati,

2012; Koesbardiati & Suriyanto *et al.*, 2007; Suriyanto *et al.*, 2008; Suriyanto, 2012; Koesbardiati *et al.*, 2012; Koesbardiati *et al.*, 2012; Suriyanto *et al.*, 2012). Wajarlah jika Junitha & Sudirga (2007) telah mencoba untuk ingin mengetahui sejauh mana “kemurnian” gen populasi Trunyan yang sejauh ini masih diyakini sebagai “orang Bali asli”, atau Bali Mula bahkan Bali Age itu. Mereka telah melakukan penelitian variasi DNA mikrosatelit kromosom Y pada populasi Trunyan itu, guna mencari jejak asal-usulnya. Hasil penelitiannya menyimpulkan bahwa masyarakat Trunyan tidak berasal dari satu leluhur tetapi diturunkan oleh banyak leluhur atau banyak sumber gen.

4. Penutup Kesimpulan

Bali menjadi konsentrasi penelitian ini karena merupakan pulau yang terletak di tengah gugusan Kepulauan Indonesia, di mana dapat mewakili jalur besar migrasi dan persebaran manusia seturut rute pulau-pulau busur luar Indonesia. Dengan demikian, sangat dimungkinkan bahwa Pulau Bali adalah lokasi persimpangan jalur migrasi di masa lalu. Di sini dapat dipastikan bahwa populasi Bali sudah bervariasi secara genetik sejak dulu.

Penelitian ini masih berkonsentrasi untuk tiga lokus saja, berdasarkan lokus *short tandem repeats* (STR) *combined DNA index system* (CODIS), yakni

CSF1PO, TH01 dan TP0X. *Preliminary study* ini sebagai langkah awal untuk mengetahui informasi keanekaragaman genetik populasi Bali; sekaligus sebagai referensi untuk melakukan penelitian lanjutan yang tentu akan lebih detail dan terarah dengan teknik-teknik yang mendukung dan sesuai.

Dari berbagai hasil penelitian berbasis genetika manusia menunjukkan bahwa variasi genetik dalam populasi Bali telah berawal sejak masa Neolitik. Sampel penelitian ini, sebagai hasil *preliminary study*, berasal dari masa Neolitik hingga awal Paleometalik dan sekitar abad 10 M sehingga hasil penelitiannya dapat langsung mewakili variasi genetik masa-masa itu. Hasil penelitian kami menguatkan hasil-hasil penelitian genetika dalam populasi Bali sebelumnya bahwa populasi Bali dari sejak Neolitik sampai sekitar masa yang lebih resen tidak berasal dari satu leluhur tetapi diturunkan oleh banyak leluhur atau banyak sumber gen.

Signifikansi Gilimanuk (Melaya, Jembrana) dan Semawang (Sanur, Denpasar) dalam penelitian antropologi molekuler ini adalah mampu menunjukkan makin beragamnya variasi genetik dalam populasi Bali seturut perubahan ke masa kini.

Saran

Diperlukan penelitian serupa dari sampel sisa-sisa rangka manusia di situs lainnya di Indonesia, sehingga variasi genetik manusia di masing-masing situs itu

dapat diidentifikasi. Hal tersebut sangat berguna dalam upaya perekonstruksian manusia dan sejarah masa lampau termasuk migrasinya di Indonesia. Dalam konteks analisis sisa-sisa rangka manusia dimaksud diperlukan juga kerjasama yang lebih intensif antara Balai Arkeologi dengan Laboratorium Bioantropologi dan Paleoantropologi, Fakultas Kedokteran Universitas Gajah Mada untuk mempercepat pencaian informasi dimaksud.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdin, L., Shimada, I., Brinkmann, B. & Hohoff, C. 2003. "Analysis Of 15 Short Tandem Repeats Reveals Significant Differences Between the Arabian Populations from Morocco and Syria". *Legal Medicine* 5: S150 – S155.
- Alfonso, M.P. & Powell, J. 2007. "Ethics of Flesh and Bone, or Ethics in the Practice of Paleopathology, Osteology, and Bioarchaeology", dalam V. Cassman, N. Odegaard & J. Powell (eds.) *Human Remains: Guide for Museums and Academic Institutions*. Lanham: AltaMira Press. Hal. 5 – 19.
- Al-Obaidli, A., Sabbagh, A., Pravin, S. & Krishnamoorthy, R. 2009. "Present Day Inbreeding Does Not Forbid the Forensic Utility of Commonly Explored STR Loci: A Case Study of Native Qataris". *Forensic Science International* 4: e11 – e13.
- Ambarawati, A. 2001. "Keramik Semawang Sanur: Bukti Perdagangan Masa Lalu". *Forum Arkeologi* 1: 80 – 89.
- Ardika, I.W. & Bellwood, P. 1991. "Sembiran: the Beginnings of Indian Contact With Bali". *Antiquity* 65: 221 – 232.
- Ardika, I.W. & Bellwood, P., Sutaba, I.M. & Yulianti, K.C. 1997. "Sembiran and the First Indian Contacts With Bali:

- An Update". *Antiquity* 71: 193 – 195.
- Astawa, O. 1991. "Tinjauan Pendahuluan Perdagangan Masa Lampau (Kajian Temuan Keramik Sanur Bali)". *Analisis Hasil Penelitian Arkeologi II*. Jakarta: Pusat Penelitian Arkeologi Nasional. Hal. 201 – 209.
- Astawa, O. & Harkantiningih, N. 1984. "Temuan Keramik di Semawang, Sanur, Bali". *Berkala Arkeologi Amerta* 1: 18 – 23.
- Azis, F.A. 1986. "Hubungan Variabel Kubur Di Situs Gilimanuk: Suatu Analisis Fungsional". *Proceeding Pertemuan Ilmiah Arkeologi IV: III. Konsep dan Metodologi*. Jakarta: Pusat Penelitian Arkeologi Nasional. Hal. 56 – 78.
- Azis, F.A. 1995. "Situs Gilimanuk (Bali) Sebagai Pilihan Lokasi Penguburan Pada Awal Masehi". *Berkala Arkeologi* edisi khusus: 43 – 46.
- Azis, F.A. 1996. "Morfokronologi Situs Gilimanuk dan Sekitarnya", dalam S. Atmosoediro (ed.) *Jejak-jejak Budaya II*. Yogyakarta: Asosiasi Prehistorisi Indonesia. Hal. 105 – 134.
- Azis, F.A., Faizal, W. & Lahagu, F. 1994. "Pertanggalan Radiokarbon Rangka Manusia Situs Gilimanuk, Bali". *Proceeding Evaluasi Hasil Penelitian Arkeologi*. Jakarta: Pusat Penelitian Arkeologi Nasional.
- Baca, M. & Molak, M. 2008. "Research on Ancient DNA in the Near East". *Bioarchaeology of the Near East* 2: 39 – 61.
- Barbarii, L.E., Rolf, B., Constantinescu, C., Hohoff, C., Calistru, P. & Dermengiu, D. 2004. "Allele Frequencies of 13 Short Tandem Repeat (STR) Loci in the Romanian Population". *Forensic Science International* 141: 171 – 174.
- Biondo, R., Spinella, A., Montagna, P., Walsh, P.S., Holt, C. & Budowle, B. 2001. "Regional Italian Allele Frequencies At Nine Short Tandem Repeat Loci". *Forensic Science International* 115: 95 – 98.
- Bird, M.I., Hope, G. & Taylor, D. 2004. "Populating PEP II: the Dispersal of Humans and Agriculture Through Austral-Asia and Oceania". *Quaternary International* 118 & 119: 145 – 163.
- Bosch, E., Calafell, F., Santos, F.R., Pérez-Lezaun, A., Comas, D., Benchemsi, N., Tyler-Smith, C. & Bertranpetit, J. 1999. "Variation in Short Tandem Repeats is Deeply Structured by Genetic Background on the Human Y Chromosome". *The American Journal of Human Genetics* 65: 1623 – 1638.
- Budowle, B., Baechtel, F.S., Comey, C.T., Giusti, A.M. & Klevan, L. 1995. "Simple Protocols for Typing Forensic Biological Evidence: Chemiluminescent Detection for Human DNA Quantitation and RFLP Analyses and Manual Typing Of PCR Amplified Polymorphisms". *Electrophoresis* 16: 1559 – 1567.
- Budowle, B., Moretti, T.R., Baumstark, A.L., Defenbaugh, D.A. & Keys, K.M. 1999. "Population Data on the Thirteen CODIS Core Short Tandem Repeat Loci In African Americans, U.S. Caucasians, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, and Trinidadians". *Journal of Forensic Sciences* 44: 1277 – 1286.
- Budowle, B., Shea, B., Niezgoda, S. & Chakraborty, R. 2001. "CODIS STR Loci Data from 41 Sample Populations". *Journal of Forensic Sciences* 46: 453 – 489.
- Butler, J. M. 2005. *Forensic DNA Typing*. California: Elsevier Academic Press.
- Castro, E.A., Diomedes, E.T., Berovides-Alvarez, V., Arias, T.D. & Ramos, C.W. 2007. "Genetic Polymorphism and Forensic Parameters of Nine Short Tandem Repeat Loci in Ngobe and Embera Amerindians of Panama". *Human Biology* 79: 563 – 577.
- Cavalli-Sforza, L.L., Piazza, A., Menozzi, P. & Mountain, J. 1988. "Reconstruction of Human

- Evolution: Bringing Together Genetic, Archaeological, and Linguistic Data". *Proceeding of the National Academy of Sciences USA* 85: 6002 – 6006.
- Cox, M.P. 2005. "Indonesian Mitochondrial DNA and its Opposition to Pleistocene Era Origin of Proto-Polynesians in Island Southeast Asia". *Human Biology* 77: 179 – 188.
- Cox, M.P., Karafet, T.M., Lansing, J.S., Sudoyo, H. & Hammer, M.F. 2010. "Autosomal and X Linked SNPs Reveal A Sharp Transition from Asian to Melanesian Ancestry in Eastern Indonesia and A Female-bias in Admixture Rates". *Proceedings of the Royal Society of London Series B* 277: 1589 – 1596.
- Cox, M.P., Redd, A.J., Karafet, T.M., Ponder, C.A., Lansing, J.S., Sudoyo, H. & Hammer, M.F. 2007. "A Polynesian Motif on the Y Chromosome: Population Structure in Remote Oceania". *Human Biology* 79: 525 – 535.
- da Costa Francez, P.A., Rodrigues, E.M.R., Frazão, G.F., dos Reis Borges, N.D. & dos Santos, S.E.B. 2011. "Allelic Frequencies and Statistical Data Obtained from 12 Codis STR Loci in An admixed population of the Brazilian Amazon". *Genetics and Molecular Biology* 34: 35 – 39.
- da Silva, L.A.F., da Azevedo, B.J.P.D.A., da Silva, E.N.P. & dos Santos, S.S. 2002. "Allele frequencies of nine STR loci – D16S539, D7S820, D13S317, CSF1PO, TPOX, TH01, F13A01, FESFPS and vWA – in the Population from Alagoas, Northeastern Brazil". *Forensic Science International* 130: 187 – 188.
- Erkol, Z., Tug, A., Alakoc, Y.D., Elma, C., Buken, B., Centinyurek, A. & Erkol, H. 2007. "STR Data for the AmpFISTR Identifier Loci from An Old Settlement in Northwestern Turkey". *Forensic Science Internasional* 173: 238 – 240.
- Glinka, J. 1993. "Reconstruction the Past from Present". *Paper for International Conference on Human Paleocology: Ecological Context of the Evolution of Man*. Jakarta: Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia.
- Glinka, J. & Koesbardiati, T. 2007. "Morfotipe Wajah dan Kepala di Indonesia: Suatu Usaha Identifikasi Variasi Populasi". *Jurnal Anatomi Indonesia* 2: 41 – 46.
- Handoko, H.Y., Lum., J.K., Gustiani, Rismala, Kartapradja, H.H., Sofro, A.S. & Marzuki, S. 2001. "Length Variants in the COII-tRNA^{lyss} Intergenic Region of Mitochondrial DNA in Indonesian Populations". *Human Biology* 73: 205 – 223.
- Harkantiningasih, N. 1987. "Jenis dan Peletakan Bekal Kubur di Situs Semawang dan Selayar: Pola Kubur dari Abad ke-14 – 19". *Proceeding Analisis Hasil Penelitian Arkeologi II*. Jakarta: Pusat Penelitian Arkeologi Nasional. Hal. 1 – 10.
- Henrich, J. & Henrich, N. 2006. "Culture, Evolution and the Puzzle of Human Cooperation". *Cognitive Systems Research* 7: 220 – 245.
- Hermann, B. & Hummel, S. 1994. "Introduction", dalam B. Hermann & S. Hummel (eds.) *Ancient DNA: Recovery and Analysis of Genetic Material from Paleontological, Archaeological, Museum, Medical, Forensic Specimens*. New York: Springer-Verlag New York Inc. Hal. 1 – 12.
- Jacob, T. 2006. "The Problem of Austronesia Origin", dalam T. Simanjuntak, I.H.E. Pojoh & M. Hisyam (eds.) *Austronesian Diaspora and the Ethnogeneses of People in Indonesian Archipelago*. Jakarta: LIPI Press. Hal. 7 – 13.
- Jinam, T.A., Hong, L.C., Phipps, M.E., Stoneking, M., Ameen, M., Edo, J., HUGO Pan-Asian SNP Consortium & Saitou, N. 2012. "Evolutionary History of Continental Southeast Asians: "Early Train" Hypothesis Based on Genetic Analysis of

- Mitochondrial and Autosomal DNA Data". *Molecular Biology and Evolution* 29: 3513 – 3527.
- Junitha, I.K. & Sudirga, S.K. 2007. "Variasi DNA Mikrosatelit Kromosom Y pada Masyarakat Bali Mula Terunyan". *HAYATI Journal of Biosciences* 2: 59 – 64.
- Karafet, T.M., Lansing, J.S., Redd, A.J., Watkins, J.C., Surata, S.P.K., Arthawiguna, W.A., Mayer, L., Bamshad, M.J., Lynn B. & Hammer, M.F. 2005. "Balinese Y-Chromosome Perspective on the Peopling of Indonesia: Genetic Contributions from Pre-Neolithic Hunter-gatherers, Austronesian Farmers, and Indian Traders". *Human Biology* 77: 93 – 114.
- Karafet, T.M., Hallmark, B., Cox, M.P., Sudoyo, H., Downey, S., Lansing, J.S. & Hamme, M.F. 2010. "Major East-West Division Underlies Y Chromosome Stratification Across Indonesia". *Molecular Biology and Evolution* 27: 1833 – 1844.
- Kayser, M., Brauer, S., Weiss, G., Schiefenhövel, W., Underhill, P.A. & Stoneking, M. 2001. "Independent Histories of Human Y Chromosomes from Melanesia and Australia". *The American Journal of Human Genetics* 68: 173 – 190.
- Kayser, M., Brauer, S., Cordaux, R., Casto, A., Lao, O., Zhivotovsky, L.A., Moise-Faurie, C., Rutledge, R.B., Wulf Schiefenhoewel, W., Gil, D., Lin, A.A., Underhill, P.A., Oefner, P.J., Trent, R.J. & Stoneking, M. 2006. "Melanesian and Asian Origins of Polynesians: mtDNA and Y Chromosome Gradients Across the Pacific". *Molecular Biology and Evolution* 23: 2234 – 2244.
- Keyser, M., Choi, Y., van Oven, M., Mona, S., Brauer, S., Trent, R.J., Suarkia, D., Schiefenhovel, W. & Stoneking, M. 2008. "The Impact of the Austronesian Expansion: Evidence from mtDNA and Y Chromosome Diversity in the Admiralty Islands of Melanesia". *Molecular Biology and Evolution* 25: 1362 – 1374.
- Keyser, M., Lao, O., Saar, K., Brauer, S., Wang, X., Nürnberg, P., Trent, R.J. & Stoneking, M. 2008. "Genome Wide Analysis Indicates More Asian Than Melanesian Ancestry of Polynesians". *The American Journal of Human Genetics* 82: 194 – 198.
- Keyser-Tracqui, C. & Ludes, B. 2005. "Methods for the Study of Ancient DNA". *Methods in Molecular Biology* 297: 253 – 264.
- Kido, A., Susukida, R., Oya, M., Fujinta, N., Kimura, H. & Hara, M. 2003. "Allele Frequency Distribution of Four STR Loci vWA, TH01, TPOX and F13A01 in there Asian Populations (Japanese, Bangladeshis, Indonesians)". *Internasional Congress Series* 12399: 105 – 108.
- Koesbardiati, T. & Suriyanto, R.A. 2007. "Australomelanesoid in Indonesia: A Swinging-like Movement". *Jurnal Anatomi Indonesia* 2: 23 – 28.
- Koesbardiati, T., Murti, D.B. & Suriyanto, R.A. 2012. "Leprosy on Plawangan Skull: Evidences for Mongoloidization?", dalam T. Koesbardiati (ed.) *Proceeding Book The International Seminar Celebrating the 80th Birthday of Professor Dr. Habil Josef Glinka, SVD*. Surabaya: Departement of Anthropology Faculty of Social and Political Sciences Airlangga University. Hal. 135 – 141.
- Koesbardiati, T., Suriyanto, R.A. & Murti, D.B. 2012. "Bali: Cross road Migrasi pada Masa Prasejarah", dalam N.M. Karmaya, I.W. Sugiratama, I.G.A. Widianti, I.A.I. Wahyuniari, I.N.G. Wardana, I.G.K.N. Arijana, I.G.N.S. Wiryawan, I.W. Suarya, I.G.N. Mayun, Muliani, Yuliana, N.M. Linawati, I.G.A.D. Ratnayanti, I.W. Suwitra, I.W. Semadha, I.N. Sueta & I.G.N.P. Sana (eds.) *Anatomy for Better Quality of Life, Proceeding Book Pertemuan Ilmiah Nasional Perhimpunan Ahli Anatomi*

- Indonesia. Denpasar: Udayana University Press. Hal. 429 – 440.
- Lansing, J.S., Cox, M.P., Vet, T.A. de, Downey, S.S., Hallmark, B. & Sudoyo, H. 2011. "An Ongoing Austronesian Expansion in Island Southeast Asia". *Journal of Anthropological Archaeology* 30: 262 – 272.
- Lansing, J.S., Redd, A.J., Karafet, T.M., Watkins, J., Ardika, I.W., Surata, S.P.K., Schoenfelder, J.S., Campbell, M. & Merriwether, A.M. 2004. "An Indian Trader in Ancient Bali?". *Antiquity* 300: 287 – 293.
- Linarce, A.M.T., Phillips, P., Wally, A. & Goodwin, W. 2001. "STR Data for the SGM Plus™ Loci from Three Indonesian Populations". *Forensic Science International* 123: 232 – 234.
- Melton, T., Peterson, R., Redd, A.J., Saha, N., Sofro, A.S.M., Martinson, J. & Stoneking, M. 1995. "Polynesian Genetic Affinities with Southeast Asian Populations As Identified by mtDNA Analysis". *The American Journal of Human Genetics* 57: 403 – 414.
- Mona, S., Grunz, K.E., Brauer, S., Pakendorf, B., Loredana Castrí, Sudoyo, H., Marzuki, S., Barnes, R.H., Schmidtke, J., Stoneking, M. & Kayser, M. 2009. "Genetic Admixture History of Eastern Indonesia As Revealed by Y-Chromosome and Mitochondrial DNA Analysis". *Molecular Biology and Evolution* 26: 1865 – 1877.
- Mona, S., Tommaseo-Ponzetta, M., Brauer, S., Sudoyo, H., Marzuki, S. & Kayser, M. 2007. "Patterns of Y-Chromosome Diversity Intersect with the Trans New Guinea Hypothesis". *Molecular Biology and Evolution* 24: 2546 – 2555.
- Prastowo, W. & Listiani, F.D. 2012. *Marker Spesifik Combine DNA Index System (CODIS) 13 dalam Identifikasi Forensik pada Suku Jawa dan Madura di Indonesia*. Malang: Lembaga Penelitian dan Pengabdian kepada Masyarakat Universitas Brawijaya.
- Raczek, E., Drozdziok, K. & Kabiesz, J. 2011. "Polymorphism of the STR Loci: TH01, TPOX, and CSF1PO in the Population of Upper Silesia: Their Usefulness in Disputed Paternity Testing". *Zagadnien Nauk Sądowych XLV*: 81 – 92.
- Shepard, E.M., Chow, R.A., Suafo'a, E., Addison, D., Perez-Miranda, A.M., Garcia-Bertrand, R. L. & Herrera, R.J. 2005. "Autosomal STR Variation in Five Austronesian Populations". *Human Biology* 6: 825 – 851.
- Soejono, R.P. 1995. "A Late Prehistoric Burial System in Indonesia: Additional Notes on Gilimanuk, Bali". *Conference Papers on Archaeology in South East Asia*. Hongkong: The University Museum and Art Gallery the University of Hongkong. Hal.181 – 189.
- Suastika, I. M. 2000. "Aktivitas Penguburan Situs Semawang, Sanur". *Forum Arkeologi* 1: 114 – 128.
- Sueblinvong, T. & Kongsrisook, U. 1999. "Population Data of 8 Short Tandem Repeat Loci in the Thai Population". *Forensic Science International* 103: 199 – 205.
- Sukadana, A.A. 1984. *Studi Politipisme dan Polimorfisme Populasi pada Beberapa Peninggalan di Nusa Tenggara Timur*. Disertasi. Surabaya: Universitas Airlangga. Tidak dipublikasikan.
- Sun, G., McGarvey, S.T., Bayoumi, R., Mulligan, C.J., Barrantes, R., Raskin, S., Zhong, Y., Akey, J. Chakraborty, R. & Deka, R. 2003. "Global Genetic Variation at Nine Short Tandem Repeat Loci and Implications on Forensic Genetics". *European Journal of Human Genetics* 11: 39 – 49.
- Suprijo, A. 1985. "Penelitian Terhadap Rangka Gilimanuk Tahun 1979". *Rapat Evaluasi Hasil Penelitian Arkeologi II*. Jakarta: Pusat Penelitian Arkeologi Nasional.

- Suriyanto, R.A. 2012. "Maskulinisasi Dimorfisme Seksual dalam Karakteristik-karakteristik Epigenetik Neurokranium Gilimanuk". *Masyarakat Kebudayaan dan Politik* 1: 15 – 33.
- Suriyanto, R.A., Jacob, T., Aswin, S. & Indriati E. 2006. "Kajian Perbandingan Karakteristik Epigenetis Populasi Tengkorak Manusia Paleometalik Gilimanuk (Bali) dan Liang Bua, Lewoleba, Melolo dan Ntodo Leseh (Nusa Tenggara Timur)". *Humanika* 19: 43 – 64.
- Suriyanto, R.A., Hastuti, J., Rahmawati, N.T., Koeshardjono & Jacob, T. 2008. "Acromiocristalis Populasi Pygmy Rampasasa (Kabupaten Manggarai, Pulau Flores, Propinsi Nusa Tenggara Timur)". *Masyarakat Kebudayaan dan Politik* 3: 272 – 282.
- Suriyanto, R.A. & Koesbardiati, T. 2012. "Australomelanesoid and Mongoloid Population in Indonesia: A Picture of Migration and Hybridization since Prehistoric until Present Times". *International Seminar The Cross Culture and History of Asia Pacific in Indonesia*, organized by Forum for the Asia Pacific Culture and History Studies (For APACHIS), Danau Toba International Hotel, July 11 – 12, 2012.
- Suriyanto, R.A., Koesbardiati, T. & Murti, D.B. 2011. "The Dental Modifications in Ancient until Present Indonesia: A Chronological Evidence of Indonesian Racial Identity". *Papua* 2: 1 – 41.
- Suriyanto, R.A., Indriati, E., Koesbardiati, T. & Murti, D.B. 2012. "Latar Belakang Tengkorak Patologis dari Paruh Pertama Abad ke 20 M: Diskusi Bioantropologi Historis dan Bioarkeologis". *Berkala Arkeologi* 32: 84 – 100.
- Suriyanto, R.A., Koesbardiati, T., Murti, D.B. & Indriati, E. 2012. "Mongoloidization Around Neolithic until Present Indonesia: A Perspective of Dental Modifications". *Proceeding Book the 2nd International Joint Symposium on Oral and Dental Sciences*. Yogyakarta: The Indonesian Journal of Dental Research Faculty of Dentistry Universitas Gadjah Mada. Hal. 213 – 224.
- Tug, A., Erkol, Z., Centinyurek, A., Alakoc, Y.D., Elma, C., Buken, B. & Erkol, H. 2010. "Allele Distribution Data for 16 Short Tandem Repeat Loci in Bolu". *Turkey Journal of Medical Sciences* 40: 659 – 664.
- Untoro, E., Atmadja, D.S., Pu, C. & Wu, F. 2009. "Allele Frequency of CODIS 13 in Indonesian Population". *Legal Medicine* 11: S203 – S205.
- Witas, H.W. 2001. "Molecular Anthropology: Touching the Past Through Ancient DNA Retrieval, Methodological Aspects". *Anthropological Review* 64: 41 – 56.
- Xu, S., Pugach, I., Stoneking, M., Kayser, M., Jin, Y. & the HUGO Pan-Asian SNP Consortium. 2012. "Genetic Dating Indicates that the Asian-Papuan Admixture Through Eastern Indonesia Corresponds to the Austronesian Expansion". *Proceeding of the National Academy of Sciences USA* 109: 4574 – 4579.
- Yang, Y. & Watt, K. 2005. "Contamination Controls when Preparing Archaeological Remains for Ancient DNA Analysis". *Journal of Archaeological Science* 32: 331 – 336.
- Yasin, S.R., Hamad, M.M., Elkarmi, A.Z. & Jaran, E.A. 2005. "African Jordanian Population Genetic Database on Fifteen Short Tandem Repeat Genetic Loci". *Croatia Medical Journal* 46: 587 – 592.
- Yuliati, C. 1997 *Laporan Penelitian Arkeologi, Ekskavasi Situs Gilimanuk Kecamatan Melaya Kabupaten Jembrana*. Denpasar: Balai Arkeologi Denpasar. Tidak dipublikasikan.