



Pitarah Manusia Nusa Tenggara Timur Berdasarkan Ceritera Kromosom Y

Meti O.F.I Tefu^a, Ferry Fredy Karwur^b*,

^a Program Studi Magister Biologi Universitas Kristen Satya Wacana, Jawa Tengah, 50711, Indonesia

^b Fakultas Kedokteran dan Ilmu Kesehatan, Universitas Kristen Satya Wacana, Jawa Tengah, 50711, Indonesia

*Corresponding author: Jln. Diponegoro 52-60, Salatiga, Jawa Tengah 50711, Indonesia. E-mail addresses: ferry.karwur@staff.uksw.edu

article info

Article history:

Received: 13 July 2017

Received in revised form: 29

November 2017

Accepted: 16 December 2017

Available online: Desember 2017

Keywords:

Human Ancestors

Patrilineal Lineage

Human Genetic Studies

Nusa Tenggara Timur Indonesia

abstract

STUDY OF HUMAN ANCESTORS NUSA TENGGARA TIMUR INDONESIA BASED ON Y CHROMOSOME. Genetic studies conducted in NTT region focused on four islands namely Flores, Sumba, Alor, and Timor. The islands of NTT are a transition zone between Papuan and Austronesian speakers. Genetically there is also an intensive mixing. The dominant genetic of tribes in Alor island is Papua / Melanesia, but on the other islands there is almost uniform mixing. In the western part of Sumba Island there is a majority area of the Papuan/ Melanesian genetic type, while the tribes in eastern Sumba, Sabu and Rote are Austronesian. Genetic mixing is also seen on Timor Island. West Timor is the more dominantly Austronesian type, while central and eastern Timor are a mixture of Papua/ Melanesia with Austronesian. On such Flores islands, the tribes in the eastern and central regions have the Papua/ Melanesian type, while the western part is almost entirely of Austronesian type. The tribes on Solor, Lembata and Adonara Islands also have mixed types between Austronesia and Papua/ Melanesia. Based on paternal lineage, the blood flowing in NTT people consists of seven line ages of East Asia, Taiwan, Southeast Asia, Arab, Japan, Europe and Papua/ Melanesia, characterized by the detection of thirty-two Y-DNA markers: C-M130/ RPS4Y, F-P14/F-M89 (East Asia), NO-M214, O-M175, O-M119, O-M95, O-P203, O-M110, O-M122, O-M134, O-P201, O-JST3002611 (Taiwan), K-M526, K-P397, K-P405, K-P79, K-P336, P-P295, Q-M242, Q-P36 (Southeast Asia), J-M172 (Arab), C-P343, D-M116 (Japan), E-P1 (Europe), C-M38, C-M208, C-P355, M-P256, M-M4, M-P34, S-M230, S-M254, S-P377 (Melanesia).

Kata Kunci:

Pitarah

Garis Keturunan Ayah

Studi Genetik Manusia

Nusa Tenggara Timur Indonesia

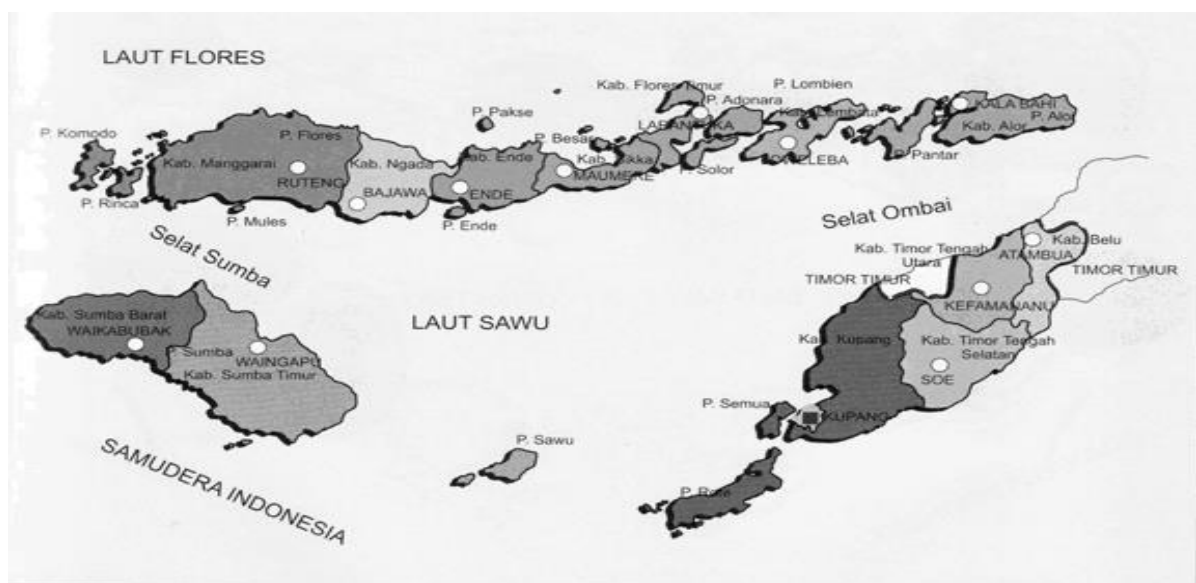
Studi genetik yang dilakukan di daerah NTT difokuskan pada empat pulau yakni Flores, Sumba, Alor, dan Timor. Pulau-pulau di NTT menjadi zona transisi antara penutur Papua dan Austronesia. Secara genetika juga terjadi pembauran yang intensif. Suku di pulau Alor, genetiknya dominan Papua/ Melanesia, namun di pulau-pulau lain terjadi pembauran hampir merata. Di Pulau Sumba bagian barat ada kawasan yang genetiknya mayoritas bertipe Papua/ Melanesia, sedangkan suku di Sumba bagian timur, Sabu dan Rote bertipe Austronesia. Pembauran genetika juga terlihat di Pulau Timor. Timor barat lebih dominan bertipe Austronesia sedangkan Timor bagian tengah dan timur merupakan campuran Papua/ Melanesia dengan Austronesia. Di pulau florespun demikian, yakni suku-suku di bagian timur dan tengah memiliki tipe Papua/ Melanesia, sedangkan bagian barat hampir seluruhnya memiliki tipe Austronesia. Suku-suku di pulau Solor, Lembata dan Adonara juga memiliki tipe campuran antara Austronesia dan Papua/ Melanesia. Berdasarkan garis keturunan ayah, darah yang mengalir dalam orang NTT terdiri atas tujuh garis keturunan yaitu Asia Timur, Taiwan, Asia Tenggara, Arab, Jepang, Eropa dan Papua/ Melanesia, yang ditandai dengan terdeteksinya tiga puluh tiga penanda Y-DNA yakni: C-M130/ RPS4Y, F-P14/F-M89 (Asia Timur), NO-M214, O-M175, O-M119, O-M95, O-P203, O-M110, O-M122, O-M134, O-P201, O-JST3002611 (Taiwan), K-M526, K-P397, K-P405, K-P79, K-P336, P-P295, Q-M242, Q-P36 (Asia Tenggara), J-M172 (Arab), C-P343, D-M116 (Jepang), E-P1 (Eropa), C-M38, C-M208, C-P355, M-P256, M-M4, M-P34, S-M230, S-M254, S-P377. (Melanesia)

2017 Scientiae Educatia: Jurnal Pendidikan Sains

1. Pendahuluan

Nusa Tenggara Timur (NTT) yang terletak di bagian tenggara Indonesia adalah daerah yang didiami pelbagai suku bangsa, dengan pulau-pulau utamanya Flores, Sumba, Timor, Alor,

Lembata, Rote, Sabu, Adonara, Solor, Komodo, Palue, dan beberapa pulau kecil lainnya (Gambar 1). Saat ini NTT dihuni oleh penduduk dengan jumlah 5.203.514 jiwa (Data BPS Provinsi NTT tahun 2016), yang terdiri dari suku bangsa Dawan (Atoin Meto, Helong, Tetum, Kemak, Marae, Boti), Rote, Sabu (Pai Hawu), Sumba, Manggarai-Riung (Manggarai Poe, Mbai, Rajeng, Mbaen), Ngada (Rangga, Maung, Ngade, Nage, Keo, Palue, Ende, Lio), Sikka-Krowe Muhang, Lamaholot (Solor), Kedang, Labala dan suku Alor-Pantar (Abui, Lemma, Mauta, Nedebang, Belegar, Kabola, Kawel, Kamang, Kolana, Wersin, Kramang, Kui, Malua, Maneta, Wululi, Saboda). Selain suku-suku tersebut, ada juga suku pendatang seperti orang-orang keturunan Cina, Arab, Bugis, Makasar, Buton, Bajo, Jawa dan pelbagai suku lain yang datang dari pelbagai tempat (Tim Pusat Peneliti Sejarah dan Budaya NTT 1978). Beragamnya suku yang ada di daerah NTT tidak terlepas dari sejarah pendiaman manusia di daerah ini sejak lampau.



Gambar 1. Peta Propinsi Nusa Tenggara Timur

Untuk mengetahui siapa nenek moyang manusia NTT, telah dilakukan studi dari pelbagai bidang kajian seperti studi arkeologi, paleontologi, antropologi, linguistik, dan genetik. Tujuan studi-studi yang dilakukan pada umumnya adalah untuk merekonstruksi sejarah pendiaman manusia di NTT berdasarkan peninggalan berupa artefak, kultural, maupun genetik yang telah diwariskan dari nenek moyangnya.

Penelitian arkeologi di NTT telah dirintis oleh Th. Verhoeven sejak tahun (1965) di pulau Flores. Beliau berpendapat bahwa manusia purba sudah hidup di Flores sekitar 750.000 tahun

lalu. Pendapatnya banyak ditentang oleh para ilmuwan karena mereka berpikir bahwa Verhoeven bukanlah seorang arkeolog tetapi seorang Pasteur. Selanjutnya berdasarkan pendapat dari Pasteur Verhoeven tersebut maka penelitian pada tahun 2001 oleh Team Pusat Penelitian Arkeologi Nasional yang bekerja sama dengan University of New England. Penelitian tersebut difokuskan pada pencarian hunian di gua Liang Bua yang pada akhirnya ditemukannya manusia *Homo floresiensis* dan pelbagai temuan fosil fauna dan artefak batu di Cekungan Soa (Flores Tengah) yang mempunyai umur sangat tua (Allen, 1991; Bellwood, 2013; Mahirta, 2003; Tim Peneliti Liang Buah 2013).

Penelitian eksplorasi terhadap situs-situs prasejarah di NTT terus dilakukan oleh peneliti lain di pelbagai daerah di NTT, dengan bukti penemuan artefak, fosil manusia dan fauna di pelbagai situs. Penemuan-penemuan itu diantaranya: a) penemuan alat-alat serpih dari batu (*retouched flakes*), tulang stegodon di Situs Ainaro (Timor Leste) (Allen, 1991), dan alat-alat batu di goa Niki-Niki Kabupaten Timor Tengah Selatan (Mahirta, 2003); b) penemuan di situs-situs di Wae Bobo 1, Buei Ceri Uato dan Lie Siri di Timor Leste yang memperlihatkan adanya perubahan budaya dan ekonomi yang radikal dengan mulai dikenalnya tembikar, beternak babi, kegiatan pertanian serta budaya materil yang berorientasi pada pembuatan mata kail, alat kerang, serta perhiasan dari cangkang kerang; c) penemuan lukisan cadas di situs Lene Hara (Timor Leste) yang bermotifkan perahu (Mahirta, 2003); d) penemuan tembikar slip merah di Situs Melolo (Pulau Sumba), di Lewoleba (Pulau Lembata), di Liang Bua (Pulau Flores); (Mahirta, 2003) dan e) penemuan tulang manusia, tulang hewan, pelbagai jenis kerang, tembikar slip merah di Pia Hudale, Lua Manggetek, Lua Meko (Pulau Rote), dan Lie Madira (Pulau Sabu) (Mahirta, 2003). Temuan-temuan tinggalan pada pokok (a) adalah artefak-artefak yang digunakan oleh manusia pada masa mesolitik (Bellwood, 2013), sedangkan tinggalan pada pokok (b-e) adalah tinggalan pada masa neolitik, lebih kurang 5.000 tahun yang lalu.

Dari hasil-hasil penelitian tersebut di atas, para peneliti sangat yakin bahwa tinggalan budaya di Indonesia bagian timur memiliki keterkaitan budaya dengan Pasifik yang didasarkan atas temuan kapak perunggu tipe Soejono VII di pulau Rote. Ragam hias dengan pola wajah (topeng) memiliki kesamaan dengan hiasan tembikar Lapita yang ditemukan di New Caledonia (Solheim, 1975., Mahirta, 2003., Anderson, 2005., Kinaston, *et al.* 2012., Higham, 2013).

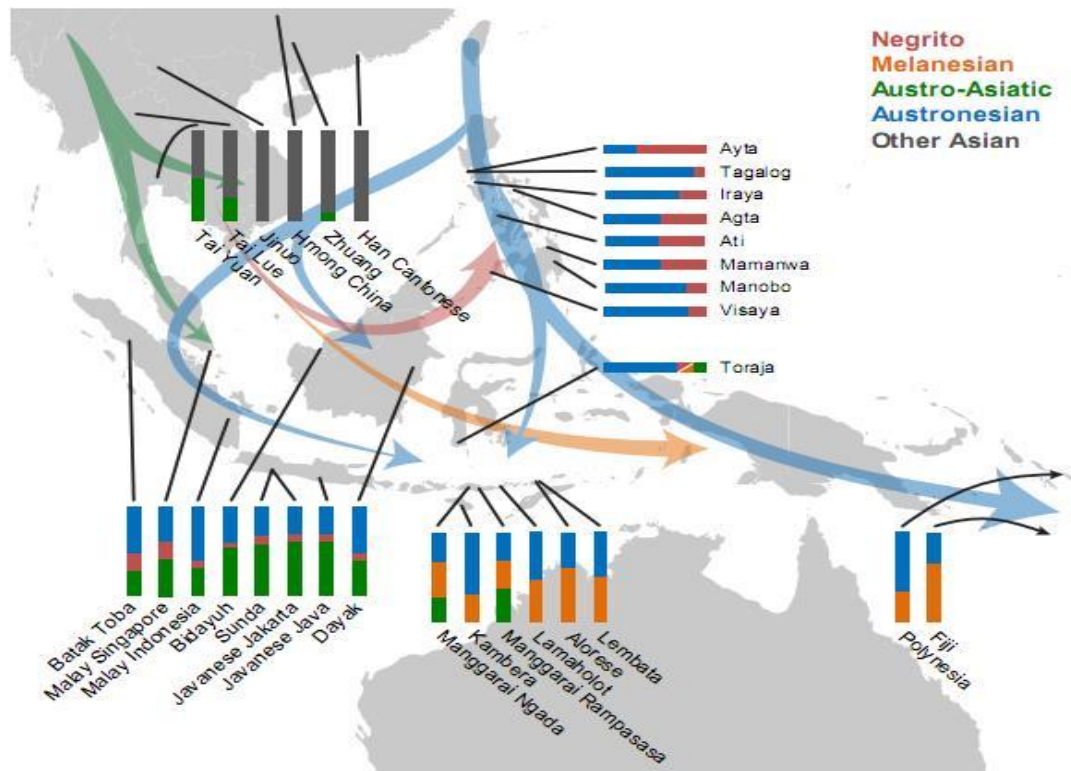
Leluhur manusia Indonesia yang dihubungkan dengan bangsa penutur bahasa Austronesia yang oleh beberapa ilmuwan berpendapat bahwa titik atau asal keluarga bahasa ini adalah Taiwan hingga saat ini masih menjadi perdebatan (Blust, 1995., Bellwood P, JJ Fox & Tryon D, 2013,

Lipson, *et al.* 2014). Bahasa Austronesia (AN) merupakan rumpun bahasa terbesar di dunia dengan 1.200 bahasa lokal, dengan penutur paling besar adalah bahasa melayu Indonesia, Filipina, Singapura, Malaysia dan Brunei, sedangkan sisanya di Vietnam, Kamboja, Kepulauan Margui, (Myanmar), dan lebih jauh ke kepulauan Oseania termasuk wilayah pesisir utara Papua. Di Indonesia bagian Timur, bahasa Austronesia menempati hampir semua pulau Oseania, kecuali di pedalaman dan pesisir pulau Papua Nugini (Bellwood, *et al.* 2013).

Para ilmuwan berpendapat bahwa, saat masyarakat penutur bahasa Austronesia tiba di kepulauan Indonesia, beberapa pulau di Indonesia seperti di daratan Papua telah dihuni oleh komunitas Australomelanesoid yang menuturkan bahasa Non-Austronesia (*Trans-New Guinea*) yang sudah ada sejak masa paleolitik (Wickler, 1990., Bellwood, *et al.* 2013) Bahasa Non-Austronesia (*Trans-New Guinea*) mendominasi daratan Nugini dan beberapa pulau di utara, timur laut dan sebelah timur dari Indonesia (Bellwood, *et al.* 2013., Diamond J, 2001).

NTT merupakan salah satu daerah yang memiliki beragam bahasa. Paling tidak terdapat empat bahasa yang dituturkan di pulau Timor, tujuh belas bahasa di Alor-Pantar, sembilan bahasa di Sumba-Sabu, dan dua puluh delapan bahasa di Flores-Lembata (Grimes, *et al.* 1997., Donohue & Charles, 2008). Studi lain yang dilakukan di enam pulau di NTT (Adonara, Alor, Lembata, Flores, Solor dan Pantar) ditambah satu populasi di daerah Timor Leste (pulau Timor) diperoleh data sebesar 63,7% dari garis keturunan ayah dan 17,5% garis keturunan ibu menggunakan bahasa Austronesia, sedangkan 60% garis keturunan ayah dan 20,5% garis keturunan ibu menggunakan bahasa Non-Austronesia (Lansing, *et al.* 2007). Khusus di pulau Sumba sekitar 35% kata yang digunakan secara langsung diturunkan dari bahasa Proto-Austronesia (PAN), sedangkan 65% adalah hasil dari perubahan kata, pinjaman kata yang telah terjadi sejak awal bahasa leluhur (Proto-Sumba) (Lansing, *et al.* 2007). Bahasa yang digunakan oleh orang NTT kelompokan menjadi dua cabang bahasa yaitu bahasa Proto Melayu Polinesia Tengah (CMP), dan bahasa Non-Austronesia (*Trans-New Guinea*). Bahasa Austronesia rata-rata dituturkan oleh semua suku di NTT, sedangkan bahasa Non-Austronesia kebanyakan dituturkan oleh suku-suku yang ada di pulau Alor-Pantar. Selain bahasa Austronesia dan bahasa Trans-New Guinea, Orang Alor juga berbagi bahasa yang diklasifikasikan dalam bahasa Timor-Alor-Pantar (TAP) dan bahasa Makasai-Alor-Pantar (MAP) dengan beberapa sub-suku di pulau Timor dan Pulau Atauro (Grimes, *et al.* 1997). Beragamnya bahasa yang digunakan menimbulkan satu pertanyaan, apakah penutur bahasa Non-Austronesia memiliki garis keturunan yang sama dengan penutur bahasa Austronesia ataukah berbeda. Dengan demikian

tujuan dari tulisan review ini adalah untuk mengetahui siapa nenek moyang manusia Nusa Tenggara Timur berdasarkan Ceritera Kromosom Y. Pembauran genetik penutur bahasa Austronesia dan Non-Austronesia di NTT dapat dilihat pada gambar 2.



Gambar 2. Pembauran genetik penutur Austronesia dan Non-Austronesia (Lipson et al. 2014)

1.1 Nenek Moyang Manusia Modern Dalam Ceritera Kromosom Y

Sebagai aturan, setiap sel manusia memiliki komposisi kromosom 44+XX untuk wanita dan 44+XY untuk pria. Dalam pewarisan genetik, kromosom Y diwariskan dari ayahnya kepada anaknya yang laki-laki, sehingga kromosom Y pada anak adalah kromosom dari ayahnya atau nenek-moyangnya laki-laki. Selanjutnya karena hanya sendirian di dalam setiap sel laki-laki, bagian yang substansial dari kromosom Y ini DNA nya tidak mengalami rekombinasi pada saat meiosis. Akibatnya, dalam waktu yang melintasi puluhan, ratusan, dan ribuan generasi pada bagian yang tidak berekombinasi ini mengalami penimbunan mutasi. Mutan-mutan pada kromosom Y dimaksud dapat berupa akumulasi DNA dengan urutan berulang (DNA Satelit), kehilangan urutan DNA atau perubahan fungsional gen-gen, dan mutasi-mutasi titik yang bersifat netral. Bagian-bagian yang termutasi dan yang tidak termutasi pada kromosom Y itu

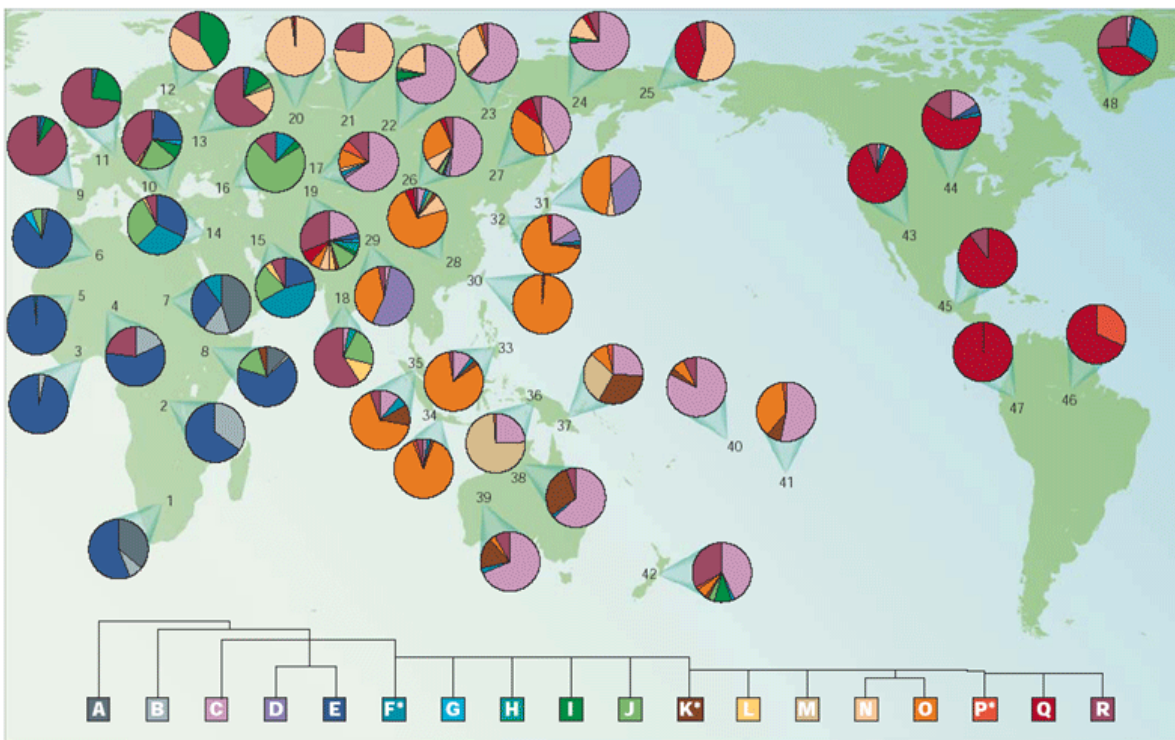
memuat ceritera asal-usul sejarah si individu menurut jalur pewarisan laki-laki dan dalam konteks pelbagai setiran evolusi.

Dua sistem penanda kromosom Y yang secara ekstensif telah digunakan dalam penelusuran sejarah manusia, yakni mikrosatelit, dan polimorfisme nukleotida tunggal khas kromosom-Y (*Y-specific single nucleotide polymorphisms*). Konsorsium Kromosom-Y (YCC) mengembangkan sebuah sistem penamaan haplogrup Y-DNA utama dengan huruf kapital A - T, lebih lanjut subklas diberi nama dengan menggunakan angka dan huruf kecil. Tata cara penulisan nama haplogroup Y-DNA dan subklas diawali dengan huruf pertama haplogrup Y-DNA utama diikuti oleh tanda hubung (-) dan nama utama yang menentukan SNP. Nomenklatur haplogrup Y-DNA berubah dari waktu ke waktu untuk mengakomodasi meningkatnya jumlah SNP yang ditemukan dan diuji, dan perluasan struktur pohon filogenetik Y-kromosom. Perubahan dalam nomenklatur ini telah menghasilkan nomenklatur yang tidak konsisten yang digunakan dalam sumber yang berbeda. Ketidakkonsistenan ini, dan tata nama yang semakin rumit, telah mendorong langkah menuju penggunaan nomenklatur singkat yang lebih sederhana.

Bagan filogenetik pertama yang menyatukan nomenklatur ini diterbitkan pada tahun 2002 oleh Konsorsium Kromosom Y (YCC). Kemudian grafik filogenetik Y-DNA muncul pada tahun 2003 yang ditulis oleh Mark Jobling dan Chris Tyler-Smith. Selanjutnya, pada tahun 2005 *DNA Family Tree* menciptakan pohon filogenetik kromosom-Y, dan akhirnya pada bulan November 2005 ISOGG (*International Society of Genetic Genealogy*) dibentuk untuk membuat dokumen berbasis web menggunakan gaya daftar indikatif Richard Kenyon yang dapat diperbarui untuk mengikuti perkembangan hasil penemuan SNP baru dan atau yang diuji di lapangan.

Akar pohon haplogroup Y disebut "Y-Chromosomal Adam", merupakan nenek moyang dari garis keturunan ayah semua orang yang hidup saat ini. Dia bukan satu-satunya laki-laki yang tinggal pada waktu itu, tetapi ia adalah satu-satunya garis keturunan laki-laki yang tak terputus keturunannya sampai hari ini. DNA kromosom Y (YDNA) terdiri dari beberapa haplogrup besar diantaranya: a) haplogrup A dan B, umum terdistribusi di Afrika (Jobling MA & Tyler-Smith C, 2003., Underhill, *et al.* 2000); b) haplogrup C dan O terdistribusi luas dan mendominasi Asia Tenggara, c) haplogrup M dan S sering terdistribusi di Papua Nugini (Underhill, *et al.* 2000., Kayser, *et al.* 2000., Kayser, *et al.* 2001., Kayser, *et al.* 2003., Kayser, *et al.* 2006); d) haplogrup D terdistribusi hanya di beberapa populasi seperti di Tibet, Jepang,

Korea, Kepulauan Andaman, dan Timor (Jobling MA & Tyler-Smith C, 2003., Underhill, *et al.* 2000., Tumonggor, *et al.* 2014., Kivisild, *et al.* 2003); e) haplogrup E sebagian besar mendominasi Afrika Timur dan sebagian kecil di Eropa (Jobling MA & Tyler-Smith C, 2003); f) haplogrup F terdistribusi hampir di seluruh dunia, namun jarang di Afrika (Jobling, 2003); g) haplogrup G, H, I, J, L, N, dan R mendominasi bagian barat laut Asia dan Eropa (Jobling MA & Tyler-Smith C, 2003); h) haplogrup K di Asia Tenggara, Eurasia, Oseania, Amerika, India, Polinesia, Melanesia dan Aborigin Australia (Underhill, *et al.* 2000., Kayser, *et al.* 2003; Friedlaender, *et al.* 2008); i) haplogrup P dan Q yang terdeteksi di Amerika, Eropa, dan Asia (Jobling MA & Tyler-Smith C, 2003., HUGO, 2009., (The International HapMap Consortium, 2010). Distribusi haplogrup Y di seluruh dunia dapat dilihat pada gambar 3.



Gambar 3. Distribusi haplogrup Y di seluruh dunia (Jobling M.A & Tyler-Smith C 2003)

1.2 Manusia Nusa Tenggara Timur Dalam Ceritera Kromosom Y

Struktur genetik populasi manusia dan dinamikanya ditentukan oleh sejumlah faktor, diantaranya migrasi individu antar populasi (*gene flow*), perkawinan yang tidak acak (*non-random-mating*), terbentuknya kelompok kecil terisolasi (*genetik drift*), mutasi, dan seleksi alamiah (Reece JB *et.al* 2014). Struktur genetik tersebut dapat dikonstruksi melalui analisis pohon asal-usul atau studi sebaran geografis. Pendekatan menggunakan analisis pohon

membutuhkan penanda molekuler dengan jumlah besar, sebaliknya studi geografis lebih tepat menggunakan gen atau alel tunggal (Cavaill-Sforsa, 1997). Dua pendekatan ini penting dalam mempelajari kejadian hanyutan gen (*genetik drift*) dan aliran gen (*gene flow*). Penggunaan penanda molekuler dalam jumlah banyak merupakan pendekatan alternatif untuk menyingkap struktur genetik dan dinamika populasi manusia. Pemanfaatan penanda molekul ini bertujuan untuk mempelajari struktur populasi sejumlah etnis di Asia Tenggara sampai Pasifik, termasuk di Indonesia yang telah dan sedang intensif dilakukan. Penanda molekuler dapat diaplikasikan pada beberapa genom DNA yang terdapat pada kromosom Y (diturunkan dari garis keturunan ayah/ Paternal), mtDNA (diturunkan dari garis keturunan Ibu/ maternal) ataupun DNA autosom (diturunkan dari garis keturunan kedua orang tua).

Studi genetik yang pernah dilakukan di NTT telah mendeteksi 33 marker Y-DNA yaitu: C-M130/ RPS4Y, C-M38, C-M208, C-P355, C-P343, D-M116, E-P1, F-P14/F-M89, J-M172, K-M526, K-P397, K-P405, K-P79, K-P336, M-P256, M-M4, M-P34, NO-M214, O-M175, O-M119, O-M95, O-P203, O-M110, O-M122, O-M134, O-P201, O-JST3002611, P-P295, Q-M242, Q-P36, S-M230, S-M254, S-P377. Distribusi dari masing-masing penanda molekuler dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Distribusi Penanda Molekular berdasarkan Kromosom Y (Garis Keturunan Ayah) di NTT

Kromosom Y	Flores % (n)	Sumba % (n)	Timor % (n)	Alor % (n)	Pantar % (n)	Lembata % (n)	Solor % (n)	Adonara % (n)
C-RPS4Y	23,9(71), ¹ 29,2(394), ²	0,3(350), ² 1,2(649) ³	11,1(9), ¹ 4,4(497) ²	3,8 (26), ¹ 3,6 (28), ² 4,5 (22) ³	-	41,9(31) ¹ 22,8(33) ³	11,6(43) ¹	10,4(96) ¹
C-M38	23,9(71) ¹ 15,5(394) ² 5,8(394) ³	57,4(350) ² 49,5(649) ³	44,4(9) ² 26,6(497) ³	46,2 (26) ¹ 48,2 (28) ² 18,2 (22) ³	26,3 (38) ¹ 7,7 (26) ³	19,3(31) ¹ 20,7(92) ² 4,3(92) ³	37,2(43) ¹	76(96) ¹
C-M208	-	-	0,4(497) ³	-	-	-	2,3(43) ¹	4,1(96) ¹
C-P355	9,1(394) ³	1,5(649) ³	12,5(497) ³	36,4 (22) ³	3,8 (26) ³	17,4(92) ³	-	-
C-P343	4,3(394) ³	-	0,4(497) ³	-	3,8(26) ³	17,4(92) ³	-	-
D-M116	-	-	0,2(497) ³	-	-	-	-	-
E-P1	-	-	0,2(497) ³	-	-	-	-	-
F-P14/F-M89	1,5(394) ^{2,3}	0,2(649) ³	1,8(497) ³	-	-	4,3(92) ² 5,4(92) ³	-	1(96) ¹
J-M172	-	-	0,4(497) ³	-	-	-	-	-
K-M526	11,2(71) ¹ 6,1(394) ²	4,0(350) ²	33,3(9) ²	30,8(26) ¹ 32,1(28) ²	2,6(38) ¹	3,2(92) ²	16,3(43) ¹	2(96) ¹
K-P397	6,1(394) ² 6,1(392) ⁴	4,5(649) ^{3,4}	9,9(497) ³ 10,2(509) ⁴	4,5(22) ³ 3,7(27) ⁴	3,8(26) ^{3,4}	3,3(92) ^{3,4}	-	-
K-P405	-	0,3(649) ³ 0,2(649) ⁴	-	-	-	-	-	-
K-P79	-	-	0,2(497) ³ 0,2(509) ⁴	-	-	-	-	-
K-P336	-	-	0,2(497) ³ 0,2(505) ⁴	22,7(22) ³ 25,8(27) ⁴	-	-	-	-
M-P256	2,5(394) ² 21,2(392) ⁴	4,5(649) ⁴	6,1(509) ⁴	14,8 (27) ⁴	19,2 (26) ⁴	-	-	-
M-M4/M5	2,8(71) ¹ 2,8(394) ³	-	-	-	3,8(26) ³	-	-	2(96) ¹
M-P34	18,2(394) ² 18,5(394) ³	4,8(350) ² 4,5(649) ³	6,2(497) ²	11,5(26) ¹ 14,3(28) ² 9,1 (22) ³	13,1(38) ¹ 15,4(26) ³	12,0(92) ^{2,3}	-	-
NO-M214	1,4(71) ¹ 18,6(392) ⁴	19,1(649) ⁴	17,3(509) ⁴	-	46,2 (26) ⁴	3,3(92) ⁴	-	-
O-M175	1,6(71) ¹	-	-	-	2,6 (38) ¹	-	7(43) ¹	1(96) ¹
O-M119	0,5(394) ²	5,4(350) ² 9,6(649) ³	2,4(497) ³	-	2,6 (38) ¹ 7,7(26) ³	2,2(92) ^{1,3}	-	1(96) ¹
O-M95	4,6(394) ² 4,8(394) ³	0,3(350) ² 1,1(649) ³	0,8(497) ³	-	-	-	-	-
O-P203	9,1(394) ² 9,1(394) ³	0,9(350) ² 0,5(649) ³	1,2(497) ³	-	-	1,1(92) ^{2,3}	-	-
O-M110	-	6,3(350) ² 4,5(649) ³	8(497) ³	-	-	-	-	-

O-M122	7(71) ¹	2(350) ² 2,2(649) ³	-	-	28,9 (38) ¹	3,2(31) ¹	-	7(43) ¹
O-M134	-	-	1(497) ³	-	2,6 (38) ¹	-	-	-
O-P201	4,6(394) ² 4,8(394) ³	0,9(350) ² 1,4(649) ³	11,1(9) ² 3,4(497) ³	-	38,5 (26) ³	-	-	-
O-JST3002611	-	-	0,4(497) ³	-	-	-	-	-
P-P295	-	3,2(649) ^{3,4}	10,9(497) ³ 10,8(507) ⁴	-	-	-	-	-
Q-M242	-	-	0,2(509) ⁴	-	-	-	-	-
Q-P36	-	-	0,2(497) ³	-	-	-	-	-
S-M230	0,8(394) ² 0,5(394) ³ 7,7(392) ⁴	0,9(350) ² 0,5(649) ³ 16(649) ⁴	8,3(509) ⁴	7,4 (27) ⁴	15,4 (26) ⁴	6,5(31) ¹ 2,2(92) ² 33,7(92) ⁴	-	-
S-M254	12,7(71) ¹ 6,9(394) ³	7,4(394) ² 15,1(649) ³	16,8(350) ² 6(497) ³	7,7 (26) ¹ 7,1 (28) ²	21 (38) ¹ 80(26) ²	19,6(31) ^{1,3} 31,5(92) ²	9,3(43) ¹	2(96) ¹
S-P377	0,3(394) ³	0,5(649) ³	2,2(497) ³	4,5 (22) ³	15,4 (26) ²	12(92) ²	-	-

Keterangan: n= Jumlah Sampel (¹Mona *et al*, 2009, ²Karafet *et al*, 2010, ³Tumonggor *et al*, 2014, ⁴Karafet *et al*, 2015)

1.3 Haplogrup C Nusa Tenggara Timur

Beberapa haplogrup utama yang mendominasi daerah NTT yaitu haplogrup C, K, M, S dan O. Haplogrup-haplogrup tersebut terdistribusi dalam frekuensi yang berbeda di setiap daerah di NTT. Dalam genetika manusia, paragrup CT yang mendefinisikan jalur utama nenek moyang manusia dari garis keturunan ayah (paternal). Pria dalam paragrup ini memiliki kromosom Y dengan penanda mutasi SNP M168, P9.1 dan M294. Mutasi ini hadir di semua laki-laki manusia modern kecuali paragrup A dan B-M60. Paragrup CT berada dalam garis keturunan dua subkelas utama yaitu CF dan DE. Subklade CF dengan penanda mutasi P143 terdeteksi di luar Afrika yaitu di sekitar Eurasia, Oseania dan Amerika dengan penanda mutasi untuk haplogrup C (M130) dan haplogrup F (M89). Sedangkan haplogrup DE dengan penanda mutasi M1(YAP), M145 (P205), M203, P144, P153, P165, P167, dan P183 terdistribusi dalam kelompok haplogrup yang berbeda di tiap geografis. Haplogrup D dengan penanda mutasi M174 hanya terdeteksi di populasi Asia Tenggara, sedangkan haplogrup E dengan penanda mutasi M96 terdeteksi di Eropa, Afrika dan Timur Tengah.

Haplogrup C memiliki penanda mutasi M130/RPS4Y adalah turunan dari paragrup CT. Haplogrup C terdiri dari 12 marker bialel (C1, C2, C3a, C3b, C3c, C3d, C3e, C3f, C4, C5, dan C6). Marker-marker inilah yang menentukan 13 subhaplogrup (C1-M8, C2-M38, C3-M217, C3a-M93, C3c-M48, C3d-M407, C3e-P53.1, C3f-P62, C4-M347, C5-M356, dan C6-P55 (Zhong, *et al.* 2010). Haplogrup C terdistribusi pada frekuensi yang relatif rendah di sebagian besar Asia. Frekuensi terendah di Asia Barat sebesar 0,90%, namun mencapai frekuensi tertinggi di timur laut Asia (Mongolia 61,29% dan Siberia 37,41%), kemudian frekuensi menurun di Jepang, Korea, Cina, India, Asia Tenggara, tetapi meningkat kembali di Indonesia bagian timur (26,76%), Papua Nugini (12,91%), Polinesia (40,52%) (Su, *et al.* 2000) dan Australia (65,74%). Haplogrup C sama sekali tidak terdeteksi di Afrika, namun terdistribusi dengan frekuensi yang rendah di Eropa (0,20%), di Amerika Utara (0,69%), dan Amerika Selatan (7,05%) (Zhong, *et al.* 2010).

Berdasarkan distribusi penanda molekuler pada table 1, haplogrup C dengan penanda mutasi M130/ RPS4Y terdistribusi di daerah NTT dengan frekuensi tertinggi di Lembata sebesar 41,9% dan Flores sebesar 29,2%, sedangkan terendah di populasi Sumba sebesar 0,3% (Karafet, *et al.* 2010). Turunan dari M130/ RPS4Y yaitu C-M38.C-M38 hampir tidak ada di sebelah barat dari garis Wallace, tetapi terdistribusi dengan frekuensi yang tinggi di Indonesia bagian timur (Maluku dan Nusa Tenggara Timur) sebesar 44-51% (Kayser, *et al.* 2003). Haplogrup C-M38 terdistribusi di Lembata (populasi Hadakewa dan Waipukang) dengan frekuensi sebesar 76% (Mona, *et al.*

2009) di Sumba (populasi Anakalang, Kodi, Lamboya, Loli, Mamboro, Rindi, Wanokaka dan Wunga) sebesar 57,4% (Karafet, *et al.* 2010), di pulau Adonara sebesar 45,9% (Mona, *et al.* 2009).

Selanjutnya turunan dari C-M38 yaitu C-M208 dan C-P355. Kedua haplogrup ini juga terdistribusi dalam frekuensi yang beragam di NTT. Subhaplogrup C-M208 hanya terdeteksi di populasi Adonara (4,1%), Solor (2,3%) dan Timor sebesar 0,4% (populasi Kamanasa sebesar 1,6% dan di Tialai 4,2%) (Karafet, *et al.* 2010). Sedangkan C-P355 yang merupakan penanda baru yang terdeteksi hanya di daerah NTT terdistribusi di populasi Alor sebesar 36,4%.

Haplogrup C-P343 adalah turunan dari C1-M8. Haplogrup ini mengalami mutasi seperti C-M38 di wilayah Melanesia dan C-M347 di Australia (Kayser, *et al.* 2003., Hudjashov *et al.* 2007). C1-M8 diduga penanda asal Jepang karena hanya terdeteksi di Jepang dengan frekuensi 5,78% dengan prediksi umur yang cukup tua sekitar 41.900 tahun (Hammer, *et al.* 2006., Xue, *et al.* 2006). C-P343 terdistribusi dalam frekuensi yang rendah di NTT dan tersebar pada empat populasi yaitu Lembata (17,4), Flores (4,3%), Pantar (3,8%) dan Timor (0,4%), dengan umur sekitar 6.500 tahun.

1.4 Haplogrup K di Nusa Tenggara Timur

Haplogrup K atau K-M9 adalah turunan dari haplogrup IJK yang memiliki distribusi geografis yang beragam di seluruh benua. Haplogrup ini merupakan garis keturunan kuno dengan daerah asal sekitar Asia Timur/ Asia Barat (Karafet, *et al.* 2008). Haplogrup K-M9 memiliki dua subklade yaitu K1 (sebelumnya terdiri dari haplogrup L dan T) dengan penanda mutasi (L298=P326) dan K2 dengan penanda mutasi (M526).

Haplogrup K2-M526 terdiri dari 4 kelompok besar (subklade), K2a, K2b, K2c dan K2d. Haplogrup terbesar dari kelompok tersebut yaitu K2b, yang dibagi menjadi dua kelompok lebih kecil yakni: K2b1 dan K2b2. K2b1 menggabungkan haplogrup M, S, K-P60 dan K-P79, sedangkan K2b2 menggabungkan haplogrup P dan subhaplogrup Q dan R (Karafet, *et al.* 2015).

Haplogrup K yang terdeteksi di populasi NTT yaitu K2(M526). Haplogrup K2-M526 terdistribusi di hampir semua pulau NTT dengan frekuensi tertinggi di Timor sebesar 33,3% (3/9) (Karafet, *et al.* 2010), dan K-P397 dengan frekuensi tertinggi di pulau Timor (Kabupaten Belu) sebesar 9,9% (49/497) (Tumonggor, 2014). Haplogrup K2-M526 diduga memiliki daerah asal Asia Tenggara sekitar 45.000-50.000 (Karafet, *et al.* 2015).

Selanjutnya, turunan dari haplogrup K2b1a (K-P397) yang terdeteksi di NTT yaitu kelompok K-P405 di Sumba sebesar (0,3%), K-P79 di pulau Timor (Kabupaten Belu) sebesar (0,2), K-P336 di pulau

Timor (Kabupaten Belu) sebesar (0,2%) dan di Alor (25,8%). Selanjutnya K2b2 (P-P295) terdeteksi dalam frekuensi yang rendah (di Timor Barat sebesar 10,9% dan Sumba sebesar 3,2%) sedangkan turunan dari P-P295 yaitu Q-M242 dan Q-P36 hanya terdeteksi di Timor Barat dengan frekuensi 0,2% (Karafet, *et al.* 2015., Tumonggor, *et al.* 2014).

Turunan dari haplogrup K2a (M2308) yaitu NO-214. Haplogrup NO-M421 terdeteksi di Flores, Sumba, Lembata, Timor, dan Alor dalam frekuensi rendah tetapi terdeteksi di Pantar dengan frekuensi sebesar (46,2%). NO-M214 muncul sekitar 41.000 tahun yang lalu (Karafet, *et al.* 2015) dengan keturunan terbanyak adalah O-M175 yang terdiri dari haplogrup O-M119, O-M95, O-P203, O-M110, dan O-M122, O-M134, O-P201, O-JST3002611. Dari semua haplogrup tersebut, yang sering terdeteksi di NTT yaitu O-M119 dan O-P203. Haplogrup O-M119 terdistribusi di Sumba sebesar 9,6% dan O-P203 di Flores sebesar 9,1% (Tumonggor, *et al.* 2013).

Kelompok haplogrup K2b1 terdiri dari haplogrup M dan S. Haplogrup M dan S pertama kali muncul sekitar 32.000-45.000 tahun yang lalu (Scheinfeldt, *et al.* 2006), dan paling sering terdeteksi di Papua barat dan Papua Nugini bagian barat. Haplogrup M diperkirakan tempat asalnya sekitar Papua Nugini (Kayser, *et al.* 2003., Karafet *et al.* 2010). Haplogrup M-P256 di NTT terdeteksi di Flores, Sumba, Timor, Alor, Pantar, dan Flores. Frekuensi tertinggi di Flores sebesar (21,2%), sedangkan keturunannya seperti M-M4 di NTT terdeteksi di Adonara (2%) (Mahirta, 2003), Flores (2,8%) dan Pantar (3,8). Turunannya adalah M-P34 yang terdistribusi dalam frekuensi tertinggi di Flores sebesar (18,5%) (Tumonggor, *et al.* 2013). Sedangkan haplogrup S diduga berasal dari Papua Nugini/ Melanesia sekitar 28.000-41.000 tahun (Scheinfeldt, *et al.* 2006). Haplogrup ini paling sering muncul di dataran tinggi Papua Nugini (Kayser, *et al.* 2003, Indonesia (Karafet *et al.* 2010), dan Melanesia (Cox MP & Mirazon LM, 2006). Di NTT S-M230 terdistribusi dalam frekuensi tertinggi di Lembata (33,7%) (Karafet, *et al.* 2015). Sedangkan turunannya S-M252 di Lembata (31,5%) (Karafet, *et al.* 2010), dan S-P377 di Pantar (15,4%) (Tumonggor, *et al.* 2013).

Selain garis keturunan Y-DNA C, K, M, S dan O yang terdeteksi di NTT, ada sebagian kecil Y-DNA di daerah NTT memiliki haplogrup yang berbeda. Haplogroup dimaksud yakni D-M116, J-M172, E-P1 dan F-P14. Haplogrup D-M116 terdeteksi dengan frekuensi 0,2% di pulau Timor (Kabupaten Belu) diduga koneksi dengan Jepang pada masa perang dunia (Tumonggor, *et al.* 2014). Haplogrup ini paling sering ditemukan di kepulauan Jepang (Jobling MA & Tyler-Smith C, 2003). Sedangkan haplogrup J-M172 diduga kontak dengan pedagang dari Arab pada masa neolitik yang terdeteksi hanya di Timor dengan frekuensi sebesar 0,4% (Tumonggor, *et al.* 2014).

Haplogrup E-P1 belum teridentifikasi secara jelas karena hanya terdeteksi di Timor Barat (Kabupaten Belu) sebesar 0,2%, tetapi tidak ditemukan di populasi lain di seluruh benua. Kehadiran haplogrup E-P1 meningkatkan resolusi haplogrup E-M96, yang diperkirakan muncul sekitar 50.000-55.000 tahun dan sering terdeteksi di Eropa, Afrika dan Timur Tengah (Karafet, *et al.* 2008). Selanjutnya haplogroup F-P14/ F-M89 diduga bermigrasi bersama haplogrup C-RPS4Y pada ekspansi pertama manusia modern. Haplogrup F-P14 terdistribusi dengan frekuensi rendah di Timor sebesar 1,8%, Sumba 0,2%, Flores 1,5%, dan Lembata 5,4%) (Tumonggor, *et al.* 2013., Tumonggor, *et al.* 2013). Haplogrup F-P14/ F-M89 diperkirakan muncul sekitar 38.700-55.000 tahun yang lalu di Asia Selatan/ Asia Timur (Karafet, *et al.* 2008).

2. Pembahasan

Keragaman Orang NTT yang tampak di pelbagai kelompok etnis yang ada, memiliki karakteristik pada tingkat tertentu dapat dibedakan. Hal ini lebih mudah diamati pada fenotip rambut, warna kulit dan penggunaan bahasa. Orang Alor memiliki tipe orang Papua/ Melanesia dengan ciri rambut keriting, berkulit hitam, tengkorak kepala pendek, tinggi badan sekitar 145-155cm¹, dan bentuk gigi besar (Kennedy, 1937., Matsumura H & Hudson MJ, 2005); orang Timor memiliki tipe Austronesia dan Papua/ Melanesia dengan ciri rambut keriting, dengan warna kulit hitam/ coklat gelap (Kennedy, 1937); orang Sabu, Rote, Sumba timur memiliki tipe campuran antara Austronesia dan Papua/ Melanesia, tetapi lebih dominan Proto Melayu dengan ciri rambut ikal/ lurus dengan warna kulit kuning kecokelat-cokelatan, bermata sipit, dan tinggi 157-161 cm,² sedangkan sumba barat (Kennedy, 1937., Belwood, 2007); suku-suku di pulau Flores bagian timur dan tengah memiliki tipe Papua-Melanesia, sedangkan di bagian barat Flores hampir seluruhnya memiliki ciri Austronesia (Kennedy, 1937); dan suku-suku di pulau Solor memiliki ciri campuran antara Austronesia dan Papua/ Melanesia (Kennedy, 1937., Xu, *et al.* 2012., Patterson, *et al.* 2012., Lipson, *et al.* 2013).

Untuk menjelaskan keragaman dimaksud, analisis berdasarkan waktu ekspansi mungkin dapat memberi jawaban akan asal-usul manusia di NTT berdasarkan studi genetik. Ekspansi pertama pada masa paleolitik sekitar 46.000-50.000 tahun lalu (Roberts, *et al.* 2001), dan ekspansi kedua para petani berbahasa Austronesia pada masa neolitik dari daratan Asia ke Indonesia hingga ke Pasifik sekitar tahun 4.000-6.000 ribu tahun lalu (Gray, RD & Jordan, FM 2000., Capelli, *et al.*

¹ Data primer peneliti tahun 2016

² Data primer peneliti tahun 2016

2001., Hurles, *et al.* 2002., Hudjashov, *et al.* 2007). Namun, disisi lain Karafet *et al.* (2010) berpendapat bahwa ada empat tahap ekspansi manusia dari Asia ke pelbagai daerah di Asia Tenggara hingga ke pasifik. Ekspansi pertama adalah pada masa paleolitik dari daerah sekitar Asia, gelombang kedua adalah migrasi berulang dari daratan Asia, ekspansi ketiga adalah masa neolitik yaitu ekspansi para petani berbahasa Austronesia dari Taiwan dan ekspansi keempat adalah migrasi pada masa sejarah dari pelbagai tempat.

Berdasarkan paparan data pada bagian sebelumnya, ekspansi manusia gelombang pertama dari daratan Asia pada masa paleolitik ini dikenal dengan masyarakat Australomelanesoid sekitar (45.000-50.000 tahun lalu). Gelombang migrasi ini membawa garis keturunan haplogrup C, K dan F. Haplogrup C menurunkan haplogrup C-M38, C-M208 (khas Papua/ Melanesia) (Kayser *et al.* 2003), C-P355 (khas Indonesia bagian timur), dan C-P343 (khas NTT) (Tumonggor *et al.* 2014); haplogrup K menurunkan haplogrup K-M526 (khas Asia Tenggara) (Karafet, *et al.* 2015), K-P397 (khas Indonesia Timur), K-P405 khas Sumba), K-P79 (khas Indonesia bagian Timur), K-P336 (khas NTT) (Tumonggor *et al.* 2014), M-P256 (khas Papua/ Melanesia), M-M4, M-P34 (khas Papua/ Melanesia), S-M230, S-M254, (khas Papua/ Melanesia) (Kayser *et al.* 2003., Karafet, *et al.* 2010), S-P377 (khas NTT) (Tumonggor *et al.* 2013), P-P295 (khas Asia Tenggara), Q-M242, Q-P36 (khas Asia) (Karafet, *et al.* 2015) dan haplogrup F-M89/ F-P14 (khas Asia) (Karafet, *et al.* 2010).

Selanjutnya ekspansi gelombang kedua yakni migrasi berulang dari wilayah Asia sekitar (8.000 – 35.000 tahun lalu) membawa garis keturunan NO-M214, O-M175, O-M119, O-M95, O-P203, O-M122, O-M134. Penanda molekuler ini terdeteksi di NTT dalam frekuensi rendah, sedangkan di Indonesia bagian barat sering terdeteksi.

Gelombang ketiga dari Taiwan sekitar (5.500-4.000 tahun lalu). Pada masa ekspansi ini dikaitkan dengan penyebaran bahasa Austronesia yang ditandai dengan garis keturunan O-P203, O-P201, O-M110, dan O-JST3002611. Bukti kehadiran gelombang migrasi ini didaerah NTT adalah terdeteksinya penanda genetik tersebut dan penggunaan bahasa Austronesia diseluruh wilayah NTT, kecuali di pulau Alor, Pantar, sebagian Timor dan Atauro yang menggunakan bahasa Non-Austronesia (*Trans new-Guinea*).

Gelombang migrasi keempat adalah ekspansi para penjajah pada masa sejarah, baik itu pada masa perang, penyebaran agama dan perdagangan yang ditandai dengan penanda genetik D-M116 (Jepang), dan J-M172 (Arab) (Tumonggor *et al.* 2014). Terdeteksinya penanda ini di beberapa lokasi di daerah NTT yang menunjukkan bahwa orang NTT berbagi genetik dengan orang Jepang

dan Arab walaupun terdeteksi dalam frekuensi yang rendah. Jika dikaitkan dengan perdagangan pada masa lampau, di NTT banyak ditemukan orang Cina yang mendiami pelbagai tempat. Namun sampai saat ini belum ada data genetik yang membuktikan bahwa orang NTT berbagi genetik dengan orang Cina. Untuk memberi penjelasan yang akan hal ini, maka perlu dilakukan studi di daerah-daerah di NTT menggunakan penanda molekuler khas Cina sehingga diperoleh data yang akurat tentang hubungan darah antara orang NTT dengan orang Cina.

Berdasarkan tahapan migrasi seperti yang telah diuraikan diatas, Indonesia bagian barat lebih dominan memiliki garis keturunan yang lebih muda (5.500-4.000 tahun), sedangkan Indonesia bagian Timur lebih dominan garis keturunan yang gelombang pertama dan kedua (8.000-50.000 tahun). Bukti ini yang memperkuat pendapat Karafet *et al.* (2010) bahwa Indonesia bagian barat merupakan wilayah pemukiman sementara pada masa ekspansi pertama dan kedua, kemudian terus bermigrasi kearah timur dari Indonesia. Secara keseluruhan genetik orang NTT terjadi pembauran yang intensif antara garis keturunan Papua/ Melanesia dengan Asia.

Lebih spesifik, orang di pulau Flores lebih dominan memiliki garis keturunan Papua/ Melanesia sekitar 0,3-24%; orang Sumba bagian timur lebih dominan memiliki garis keturunan Asia sekitar 0,5-19%; orang Sumba bagian barat lebih dominan memiliki garis keturunan Papua/ Melanesia sekitar 0,5-57%; orang di pulau Timor lebih dominan memiliki garis keturunan Papua/ Melanesia sekitar 0,4-44%; orang di pulau Alor lebih dominan memiliki garis keturunan Papua/ Melanesia dengan frekuensi tertinggi 48%, Asia Tenggara 32%, sedangkan hanya sekitar 4,5% orang alor yang memiliki garis keturunan asal Asia; orang Pantar terdiri campuran garis keturunan Papua/ Melanesia, Asia Timur, Taiwan, Asia Tenggara; orang Lembata lebih dominan memiliki garis keturunan Asia Timur dengan frekuensi tertinggi 41,9% dan Papua/ Melanesia dengan frekuensi 33,7%; orang Adonara dan Solor terdiri dari campuran garis keturunan Papua/ Melanesia, Asia Timur, dan Asia Tenggara. Khusus untuk pulau Solor dan Adonara penelitian masih jarang dilakukan sehingga belum bisa dipastikan pembauran genetiknya seperti apa. Sedangkan di pulau Sabu dan Rote, hingga sekarang ini belum ada data genetik yang dipublikasikan sehingga belum dapat dipetakan garis keturunannya seperti apa. Namun apabila dilihat dari tipe fisik dan jenis bahasa yang digunakan maka orang Sabu dan Rote masuk dalam kelompok Austronesia.

Selanjutnya ada lima penanda genetik asli yang terdeteksi di daerah NTT diantaranya C-P355, C-P343, K-P405, K-P336, S-P377. Penanda-penanda ini merupakan turunan dari haplogrup C dan K di Asia Tenggara. Untuk menjelaskan hal ini, Tumonggor *et al.* (2014) berpendapat bahwa terdeteksinya penanda-penanda ini meningkatkan resolusi haplogrup C dan K, namun hingga

sekarang penanda-penanda ini belum dapat dipastikan daerah asalnya. Jika dilihat dari distribusinya yang hanya terdeteksi di NTT (Kecuali C-P355 yang terdeteksi di Maluku) saya dapat berasumsi bahwa penanda-penanda ini bisa saja merupakan penanda khas orang NTT. Namun untuk memastikan hal ini perlu dilakukan penelitian pada wilayah yang lebih luas, sehingga dapat memberikan informasi yang lebih akurat mengenai marker-marker dimaksud.

Banyaknya bahasa yang digunakan dan beragamnya struktur genetik orang Nusa Tenggara Timur membuktikan bahwa, sejak lampau daerah ini sudah ditempati oleh leluhur yang bermigrasi dari pelbagai tempat. Diketuinya leluhur orang Nusa Tenggara Timur, selain untuk mengetahui sejarah peradaban manusia dimasa lampau, kajian-kajian tentang leluhur juga dapat bermanfaat untuk mengetahui pelbagai jenis penyakit yang kemungkinan dapat diturunkan secara genetik dari nenek moyang ke generasi berikutnya (Ganczakowski, 1995., Zhao X, Li Z & Zhang XY, 2010., Tantular, *et al.* 2010).

3. Simpulan

Secara keseluruhan, paparan dalam tulisan ini memberi gambaran tentang siapa orang NTT berdasarkan garis keturunan ayah, yakni bahwa Orang NTT terdiri dari campuran tujuh garis keturunan. Hal ini dibuktikan dengan terdeteksinya gen-gen ras Asia Timur, Taiwan, Asia Tenggara, Arab, Jepang, Eropa dan Papua/ Melanesia, yang mengalir dalam darah orang NTT yang ditandai dengan 33 penanda Y-DNA yakni: C-M130/ RPS4Y, F-P14/F-M89 (Asia Timur), NO-M214, O-M175, O-M119, O-M95, O-P203, O-M110, O-M122, O-M134, O-P201, O-JST3002611 (Taiwan), K-M526, K-P397, K-P405, K-P79, K-P336, P-P295, Q-M242, Q-P36 (Asia Tenggara), J-M172 (Arab), C-P343, D-M116 (Jepang), E-P1 (Eropa), C-M38, C-M208, C-P355, M-P256, M-M4, M-P34, S-M230, S-M254, S-P377 (Melanesia).

Daftar Pustaka

- Allen, H. (1991). Stegodonts and the dating of stone tool assemblages in island Southeast Asia. *Asian Perspectives*, 30(2), 243-265. Available online: <http://www.jstor.org/stable/42928245>
- Anderson, A. (2005). Crossing the Luzon Strait: archaeological chronology in the Batanes Islands, Philippines and the regional sequence of Neolithic dispersal. *Journal of Austronesian Studies*, 1(2), 25-44. Available online: https://www.researchgate.net/profile/Atholl_Anderson/publication/242363770_Crossing_the_Luzon_Strait_Archaeological_Chronology_in_the_Batanes_Islands_Philippines_and_the_Regional_Sequence_of_Neolithic_Dispersal/links/0c960529d6a5a92d58000000.pdf
- Bellwood, P. (2013). Prehistory of the Indo-Malaysian Archipelago: revised edition. ANU Press. Available online: <http://www.oopen.org/search?identifier=459472>

- Bellwood, P., Fox, J. J., & Tyron, D. (2013). The Austronesians: historical and comparative perspectives (p. 367). ANU Press. Available online: <http://www.oapen.org/download?type=document&docid=458826>
- Blust, R. (1995). The prehistory of the Austronesian-speaking peoples: a view from language. *Journal of World Prehistory*, 9(4), 453-510. Available online: <http://link.springer.com/article/10.1007/BF02221119>
- Capelli, C., Wilson, J. F., Richards, M., Stumpf, M. P., Gratrix, F., Oppenheimer, S., ... & Goldstein, D. B. (2001). A predominantly indigenous paternal heritage for the Austronesian-speaking peoples of insular Southeast Asia and Oceania. *The American Journal of Human Genetics*, 68(2), 432-443. Available online: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929707640956>
- Cavalli-Sforza, L. L. (1997). Genes, peoples, and languages. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 94(15), 7719-7724. Available online: Cavalli-Sforza, L. L. (1997). Genes, peoples, and languages. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 94(15), 7719-7724. Available Online: <http://www.pnas.org/content/94/15/7719.short>
- Cox, M. P., & Mirazón Lahr, M. (2006). Y-chromosome diversity is inversely associated with language affiliation in paired Austronesian-and Papuan-speaking communities from Solomon Islands. *American Journal of Human Biology*, 18(1), 35-50. Available Online: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajhb.20459/full>
- Data BPS NTT, 2016. Statistik Sosial dan Kependudukan Provinsi Nusa Tenggara Timur Tahun 2016. Available online: <https://ntt.bps.go.id/publication/download.html?nrbvfeve=YjA1MWNiZDRkNThkZTY5OWQ4MTRmYjA4&xzmn=aHR0cHM6Ly9udHQyYnBzLmdvLmlkL3B1YmxpY2F0aW9uLzIwMTcvMDYvMTQvYjA1MWNiZDRkNThkZTY5OWQ4MTRmYjA4L3N0YXRpc3Rpay1zb3NpYWwtZGFuLWtlcGVuZHVkdWthbi1wcm92aW5zaS1udXNhLXRlbmdnYXJhLXRpbXVyLXRhaHVuLTIwMTYuaHRtbA%3D%3D&twoadfnorfeauf=MjAxNy0xMi0yOCAxNj01NzoyNw%3D%3D>
- Diamond, J. (2001). Polynesian origins: slow boat to Melanesia?. *Nature*, 410(6825), 167-167. Available online: <https://www.nature.com/nature/journal/v410/n6825/full/410167a0.html>
- Donohue, M., & Grimes, C. E. (2008). Yet more on the position of the languages of eastern Indonesia and East Timor. *Oceanic Linguistics*, 47(1), 114-158. Available online: <https://muse.jhu.edu/article/241052/summary>
- Friedlaender, J. S., Friedlaender, F. R., Reed, F. A., Kidd, K. K., Kidd, J. R., Chambers, G. K., ... & Merriwether, D. A. (2008). The genetic structure of Pacific Islanders. *PLoS genetics*, 4(1), e19. Available online: <http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.0040019>
- Ganczakowski, M., Town, M., Bowden, D. K., Vulliamy, T. J., Kaneko, A., Clegg, J. B., ... & Luzzatto, L. (1995). Multiple glucose 6-phosphate dehydrogenase-deficient variants correlate with malaria endemicity in the Vanuatu archipelago (southwestern Pacific). *American journal of human genetics*, 56(1), 294. Available online: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1801293/>
- Gray, R. D., & Jordan, F. M. (2000). Language trees support the express-train sequence of Austronesian expansion. *Nature*, 405(6790), 1052. Available online: <https://www.nature.com/nature/journal/v405/n6790/abs/4051052a0.html>
- Grimes, C. E., Thom, T., Grimes, B. D., Jacob, M. (1997). A guide to the people and languages of Nusa Tenggara. Centre for Regional studies, Paradigma Series B. Kupang: Artha Wacana Press.

- Hammer, M. F., Karafet, T. M., Park, H., Omoto, K., Harihara, S., Stoneking, M., & Horai, S. (2006). Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes. *Journal of human genetics*, *51*(1), 47-58. Available online: <http://link.springer.com/article/10.1007/s10038-005-0322-0>
- Higham, C. (2013). Hunter-gatherers in Southeast Asia: From prehistory to the present. *Human Biology*, *85*(1-3), 21-44. Available online: <https://www.bioone.org/doi/full/10.3378/027.085.0302>
- Hudjashov, G., Kivisild, T., Underhill, P. A., Endicott, P., Sanchez, J. J., Lin, A. A., ... & Forster, P. (2007). Revealing the prehistoric settlement of Australia by Y chromosome and mtDNA analysis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *104*(21), 8726-8730. Available online: <http://www.pnas.org/content/104/21/8726.short>
- HUGO Pan-Asian SNP Consortium. (2009). Mapping human genetic diversity in Asia. *Science*, *326*(5959), 1541-1545. Available online: <http://science.sciencemag.org/content/326/5959/1541.short>
- Hurles, M. E., Nicholson, J., Bosch, E., Renfrew, C., Sykes, B. C., & Jobling, M. A. (2002). Y chromosomal evidence for the origins of Oceanic-speaking peoples. *Genetics*, *160*(1), 289-303. Available online: <http://www.genetics.org/content/160/1/289.full-text.pdf+html>
- International HapMap 3 Consortium. (2010). Integrating common and rare genetic variation in diverse human populations. *Nature*, *467*(7311), 52-58. Available online: <https://www.nature.com/nature/journal/v467/n7311/abs/nature09298.html>
- Jobling, M. A., & Tyler-Smith, C. (2003). The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews Genetics*, *4*(8), 598-612. Available online: <https://www.nature.com/nrg/journal/v4/n8/abs/nrg1124.html>
- Karafet, T. M., Hallmark, B., Cox, M. P., Sudoyo, H., Downey, S., Lansing, J. S., & Hammer, M. F. (2010). Major east-west division underlies Y chromosome stratification across Indonesia. *Molecular biology and evolution*, *27*(8), 1833-1844. Available online: <https://academic.oup.com/mbe/article-abstract/27/8/1833/988857>
- Karafet, T. M., Mendez, F. L., Meilerman, M. B., Underhill, P. A., Zegura, S. L., & Hammer, M. F. (2008). New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome research*, *18*(5), 830-838. Available online: <http://genome.cshlp.org/content/18/5/830.short>
- Karafet, T. M., Mendez, F. L., Sudoyo, H., Lansing, J. S., & Hammer, M. F. (2015). Improved phylogenetic resolution and rapid diversification of Y-chromosome haplogroup K-M526 in Southeast Asia. *European Journal of Human Genetics*, *23*(3), 369-373. Available online: <https://www.nature.com/ejhg/journal/v23/n3/abs/ejhg2014106a.html>
- Kayser, M., Brauer, S., Cordaux, R., Casto, A., Lao, O., Zhivotovsky, L. A., ... & Lin, A. A. (2006). Melanesian and Asian origins of Polynesians: mtDNA and Y chromosome gradients across the Pacific. *Molecular biology and evolution*, *23*(11), 2234-2244. Available online: <https://academic.oup.com/mbe/article-abstract/23/11/2234/1333210>
- 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*(1), 173-190. Available online: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929707624823>

- Kayser, M., Brauer, S., Weiss, G., Schiefenhövel, W., Underhill, P., Shen, P., ... & Stoneking, M. (2003). Reduced Y-chromosome, but not mitochondrial DNA, diversity in human populations from West New Guinea. *The American Journal of Human Genetics*, 72(2), 281-302. Available online: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929707605394>
- Kayser, M., Brauer, S., Weiss, G., Underhill, P., Roewer, L., Schiefenhövel, W., & Stoneking, M. (2000). Melanesian origin of Polynesian Y chromosomes. *Current Biology*, 10(20), 1237-1246. Available online: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S096098220000734X>
- Kennedy, R. (1937). *A survey of Indonesian civilization*. Yale University Press.
- Kinaston, R., Buckley, H., Gray, A., Shaw, B., & Mandui, H. (2013). Exploring subsistence and cultural complexes on the south coast of Papua New Guinea using palaeodietary analyses. *Journal of Archaeological Science*, 40(2), 904-913. Available online: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0305440312003998>
- Lansing, J. S., Cox, M. P., Downey, S. S., Gabler, B. M., Hallmark, B., Karafet, T. M., ... & Hammer, M. F. (2007). Coevolution of languages and genes on the island of Sumba, eastern Indonesia. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(41), 16022-16026. Available online: <http://www.pnas.org/content/104/41/16022.short>
- Lipson, M., Loh, P. R., Levin, A., Reich, D., Patterson, N., & Berger, B. (2013). Efficient moment-based inference of admixture parameters and sources of gene flow. *Molecular biology and evolution*, 30(8), 1788-1802. Available online: <https://academic.oup.com/mbe/article-abstract/30/8/1788/1017431>
- Lipson, M., Loh, P. R., Patterson, N., Moorjani, P., Ko, Y. C., Stoneking, M., ... & Reich, D. (2014). Reconstructing Austronesian population history in island Southeast Asia. *Nature communications*, 5. Available online: https://www.nature.com/ncomms/2014/140819/ncomms5689/full/ncomms5689.html?message-global=remove&WT.mc_id=TWT_NatureComms
- Mahirta. (2003). *Human Occupation on Rote and Sawu Islands, Nusa Tenggara Timur* (Doctoral dissertation, Australian National University).
- Matsumura, H., & Hudson, M. J. (2005). Dental perspectives on the population history of Southeast Asia. *American Journal of Physical Anthropology*, 127(2), 182-209. Available online: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajpa.20067/full>
- Mona, S., Grunz, K. E., Brauer, S., Pakendorf, B., Castrì, L., Sudoyo, H., ... & Kayser, M. (2009). Genetic admixture history of Eastern Indonesia as revealed by Y-chromosome and mitochondrial DNA analysis. *Molecular Biology and Evolution*, 26(8), 1865-1877. Available online: <https://academic.oup.com/mbe/article-abstract/26/8/1865/980671>
- Patterson, N., Moorjani, P., Luo, Y., Mallick, S., Rohland, N., Zhan, Y., ... & Reich, D. (2012). Ancient admixture in human history. *Genetics*, 192(3), 1065-1093. Available online: <http://www.genetics.org/content/192/3/1065.short>
- Reece, J. B., Urry, L. A., Cain, M. L., Wasserman, S. A., Minorsky, P. V., & Jackson, R. (2014). *Campbell biology* (p. 135). Boston: Pearson. Available online: http://encore.excelsior.edu/encore/reviews/Biology%20Organismal%20Template_Campbell%20Biology_Moran.pdf
- Roberts, R. G., Flannery, T. F., Ayliffe, L. K., Yoshida, H., Olley, J. M., Prideaux, G. J., ... & Smith, B. L. (2001). New ages for the last Australian megafauna: continent-wide extinction about 46,000 years ago. *Science*, 292(5523), 1888-1892. Available online: <http://science.sciencemag.org/content/292/5523/1888.short>

- Scheinfeldt, L., Friedlaender, F., Friedlaender, J., Latham, K., Koki, G., Karafet, T., ... & Lorenz, J. (2006). Unexpected NRY chromosome variation in northern island Melanesia. *Molecular biology and evolution*, 23(8), 1628-1641. Available online: <https://academic.oup.com/mbe/article-abstract/23/8/1628/967538>
- Solheim, W. G. (1975). Reflections on the new data of Southeast Asian prehistory: Austronesian origin and consequence. *Asian perspectives*, 18(2), 146-160. Available online: <http://www.jstor.org/stable/42927893>
- Su, B., Jin, L., Underhill, P., Martinson, J., Saha, N., McGarvey, S. T., ... & Deka, R. (2000). Polynesian origins: insights from the Y chromosome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(15), 8225-8228. Available online: <http://www.pnas.org/content/97/15/8225.short>
- Tantular, I. S., Matsuoka, H., Kasahara, Y., Pularawati, S., Kanbe, T., Tuda, J. S., ... & Kawamoto, F. (2010). Incidence and mutation analysis of glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency in eastern Indonesian populations. *Acta Medica Okayama*, 64(6), 367-373. Available online: <http://ousar.lib.okayama-u.ac.jp/en/41322>
- Tim Peneliti Liang Buah, 2013. Penemuan Manusia Flores (Homo Floresiensis), Dalam: Refleksi 60 Tahun DNA Heliks Ganda & Cerita Dibalik Penemuan Homo Floresiensis. Satya Wacana University Press: Salatiga.
- Tim Pusat Peneliti Sejarah dan Budaya NTT, 1977/1978. Adat Istiadat NTT. Departemen Pendidikan dan Kebudayaan
- Tumonggor, M. K., Karafet, T. M., Downey, S., Lansing, J. S., Norquest, P., Sudoyo, H., ... & Cox, M. P. (2014). Isolation, contact and social behavior shaped genetic diversity in West Timor. *Journal of human genetics*, 59(9), 494-503. Available online: <https://www.nature.com/jhg/journal/v59/n9/abs/jhg201462a.html>
- Tumonggor, M. K., Karafet, T. M., Hallmark, B., Lansing, J. S., Sudoyo, H., Hammer, M. F., & Cox, M. P. (2013). The Indonesian archipelago: an ancient genetic highway linking Asia and the Pacific. *Journal of human genetics*, 58(3), 165-173. Available online: <https://www.nature.com/jhg/journal/v58/n3/abs/jhg2012154a.html>
- Tumonggor, M. K., Karafet, T. M., Hallmark, B., Lansing, J. S., Sudoyo, H., Hammer, M. F., & Cox, M. P. (2013). The Indonesian archipelago: an ancient genetic highway linking Asia and the Pacific. *Journal of human genetics*, 58(3), 165-173. Available online: <https://www.nature.com/jhg/journal/v58/n3/abs/jhg2012154a.html>
- Underhill, P. A., Shen, P., Lin, A. A., Jin, L., Passarino, G., Yang, W. H., ... & Ibrahim, M. (2000). Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature genetics*, 26(3), 358-361. Available online: https://www.nature.com/ng/journal/v26/n3/abs/ng1100_358.html
- Wickler, S. (1990). Prehistoric Melanesian Exchange and Interaction: Recent Evidence from the Northern Solomon Islands. *Asian Perspective*, 29 (2): 135-154. Available online: <http://www.jstor.org/stable/42928220>
- Xu, S., Pugach, I., Stoneking, M., Kayser, M., Jin, L., & HUGO Pan-Asian SNP Consortium. (2012). Genetic dating indicates that the Asian–Papuan admixture through Eastern Indonesia corresponds to the Austronesian expansion. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(12), 4574-4579. Available online: <http://www.pnas.org/content/109/12/4574.short>

Xue, Y., Zerjal, T., Bao, W., Zhu, S., Shu, Q., Xu, J., ... & Yang, H. (2006). Male demography in East Asia: a north–south contrast in human population expansion times. *Genetics*, *172*(4), 2431-2439. Available online: <http://www.genetics.org/content/172/4/2431?etoc=>