

Studi Genomik Buktikan Orang Amerika Keturunan Asia

Koran-jakarta.com | Rabu, 28 Mei 2025, 07:34 WIB



ORANG Asia purba melakukan migrasi prasejarah terpanjang yang pernah diketahui manusia. Studi menunjukkan bahwa penduduk asli Amerika Selatan adalah keturunan Asia, menumbangkan teori lama berasal dari Eropa.

Berdasarkan sebuah studi genomik internasional mengungkapkan bahwa orang Asia purba melakukan migrasi prasejarah terpanjang yang pernah diketahui manusia. Manusia purba ini, yang menjelajahi bumi lebih dari 100.000 tahun yang lalu, diyakini telah menempuh perjalanan lebih dari 20.000 kilometer dengan berjalan kaki dari Asia Utara ke ujung paling selatan Amerika Selatan.



Ket. Seorang pemimpin suku Indian Amerika duduk di atas kudanya di depan Gedung Capitol AS di Washington.

Para ilmuwan telah menyatakan keragaman genetik orang Asia yang sangat luas, yang mencakup lebih dari separuh populasi dunia. Temuan ini menumbangkan asumsi lama tentang dominasi genetik Eropa dan menunjukkan bahwa penduduk asli Amerika Selatan adalah keturunan Asia.

Studi ini juga menjelaskan bagaimana migrasi yang begitu luas dan lingkungan yang berbeda telah membentuk evolusi manusia, termasuk bagaimana populasi beradaptasi dengan penyakit dan bagaimana sistem kekebalan mereka berevolusi.

Sebuah studi genomik internasional yang dipimpin oleh para ilmuwan dari Nanyang Technological University, Singapura (NTU Singapore) di Singapore Centre for Environmental Life Sciences Engineering (SCELSE) dan Asian School of the Environment (ASE) telah menunjukkan bahwa orang Asia awal melakukan migrasi prasejarah terpanjang yang pernah dilakukan manusia.

Manusia prasejarah ini, yang menjelajahi bumi lebih dari seratus ribu tahun yang lalu, telah menempuh jarak lebih dari 20.000 kilometer dengan berjalan kaki dari Asia Utara ke ujung paling selatan Amerika Selatan. Perjalanan ini akan memakan waktu beberapa generasi manusia, yang memakan waktu ribuan tahun.

Anda mungkin tertarik:



[Menhan RI dan Menhan Tiongkok Bahas Kerja Sama Militer](#)



Di masa lalu, daratan juga berbeda, dengan es yang menjembatani bagian-bagian tertentu yang memungkinkan rute tersebut. Didukung oleh konsorsium GenomeAsia100K, studi ini diterbitkan minggu ini di Science, yang menganalisis data urutan DNA dari 1.537 individu yang mewakili 139 kelompok etnis yang beragam. Lembaga tersebut merupakan konsorsium nirlaba yang berfokus pada pengurutan dan analisis 100.000 genom Asia untuk mendorong kemajuan medis spesifik populasi dan pengobatan presisi.

Studi ini melibatkan 48 penulis dari 22 lembaga di seluruh Asia, Eropa, dan Amerika. Para peneliti menelusuri perjalanan migrasi kuno yang dimulai di Afrika, berlanjut melalui Asia Utara, dan berakhir di Tierra del Fuego di Argentina modern, yang dianggap sebagai batas akhir migrasi manusia di Bumi.

Dengan membandingkan pola leluhur bersama dan variasi genetik yang terakumulasi dari waktu ke waktu, tim tersebut dapat melacak bagaimana kelompok terpecah, berpindah, dan beradaptasi dengan lingkungan baru.

Pola-pola ini memungkinkan tim untuk merekonstruksi rute migrasi kuno dan memperkirakan kapan populasi yang berbeda menyimpang. Rute yang direkonstruksi memberikan gambaran terperinci tentang bagaimana manusia purba mencapai ujung terjauh Amerika, dan temuan tersebut menunjukkan bahwa kelompok perintis ini mengatasi tantangan lingkungan yang ekstrem untuk menyelesaikan perjalanan mereka selama ribuan tahun.

Pendapat utama adalah bahwa para migran awal ini tiba di ujung barat laut Amerika Selatan, tempat Panama modern bertemu Kolombia, sekitar 14.000 tahun yang lalu. Dari titik masuk yang kritis ini, populasi terbagi menjadi empat kelompok besar.

Pertama tetap berada di lembah Amazon, sementara yang kedua bergerak ke timur ke wilayah Dry Chaco dan ke selatan ke padang es Patagonia, menjelajahi lembah Pegunungan Andes, pegunungan tertinggi di luar Asia.

Dengan menganalisis profil genetik populasi pribumi di Eurasia dan Amerika Selatan, para peneliti dari proyek GenomeAsia100K, untuk pertama kalinya, memetakan keragaman genetik Asia yang sangat besar.

Ketahanan Genetik

Studi ini juga menyoroti konsekuensi evolusi dari migrasi yang begitu besar. Profesor Associate Kim Hie Lim dari Sekolah Lingkungan Asia NTU, penulis korespondensi studi tersebut, menjelaskan bahwa perjalanan yang sulit selama ribuan tahun telah mengurangi keragaman genetik populasi migran.

"Para migran tersebut hanya membawa sebagian kecil dari kumpulan gen dalam populasi leluhur mereka melalui perjalanan panjang mereka. Dengan demikian, berkurangnya keragaman genetik juga menyebabkan berkurangnya keragaman dalam gen yang berhubungan dengan kekebalan tubuh, yang dapat membatasi fleksibilitas populasi untuk melawan berbagai penyakit menular," jelas Assoc Prof Kim, seorang Peneliti Utama di SCELSE dan Wakil Direktur GenomeAsia100K.

"Hal ini dapat menjelaskan mengapa beberapa komunitas Pribumi lebih rentan terhadap penyakit atau penyakit yang dibawa oleh imigran berikutnya, seperti penjajah Eropa. Memahami bagaimana dinamika masa lalu telah membentuk struktur genetik populasi saat ini dapat menghasilkan wawasan yang lebih mendalam tentang ketahanan genetik manusia," urainya.

Rekan Peneliti Senior SCELSE Dr Elena Gusareva, penulis pertama studi tersebut, mengatakan bahwa kelompok-kelompok awal ini menetap di ceruk ekologis baru, dan selama ratusan generasi, tubuh dan gaya hidup mereka berevolusi sebagai respons terhadap tantangan unik di setiap wilayah.

“Temuan kami menyoroti kemampuan adaptasi luar biasa dari kelompok-kelompok pribumi awal yang beragam yang berhasil menetap di lingkungan yang sangat berbeda. Dengan menggunakan teknologi pengurutan genom lengkap beresolusi tinggi di SCELSE, kami sekarang dapat mengungkap sejarah panjang migrasi manusia dan jejak genetik yang ditinggalkan oleh para pemukim awal,” ungkapnya.

Pentingnya representasi Asia dalam studi genetik Profesor NTU Stephan Schuster, penulis senior makalah studi dan Direktur Ilmiah konsorsium GenomeAsia100K, mengatakan studi mereka menunjukkan bahwa keragaman genom manusia yang lebih besar ditemukan pada populasi Asia, bukan Eropa, seperti yang telah lama diasumsikan. Hal ini disebabkan oleh bias pengambilan sampel dalam proyek pengurutan genom skala besar.

“Hal ini membentuk kembali pemahaman kita tentang pergerakan populasi historis dan meletakkan dasar yang lebih kuat untuk penelitian masa depan tentang evolusi manusia. Wawasan baru kami menggarisbawahi pentingnya meningkatkan representasi populasi Asia dalam studi genetik, terutama karena genomik memainkan peran penting dalam pengobatan yang dipersonalisasi, kesehatan masyarakat, dan pemahaman tentang evolusi manusia,” tambah Prof Schuster, yang merupakan Ketua Presiden bidang Genomik di Sekolah Ilmu Biologi NTU, dan Wakil Direktur Pusat di SCELSE.

Dengan menelusuri dampak migrasi dan isolasi pada karakteristik genetik, studi ini menawarkan wawasan tentang bagaimana populasi yang berbeda merespons penyakit dan bagaimana sistem kekebalan mereka berevolusi. Temuan ini juga membantu para ilmuwan lebih memahami susunan genetik penduduk asli Amerika. **hay**

Studi Genomik Buktikan Orang Amerika Keturunan Asia