

Penyuluhan Asal Mula Teknologi *Polymerase Chain Reaction* Bagi Komunitas Minggu Raya (Bagian 2)

Tanto Budi Susilo^{*1}, Oni Soesanto², Sri Cahyo Wahjono³, Dewi Sri Susanti⁴, Krisdianto⁵, Arfan Eko Fahrudin⁶, Eko Suhartono⁷, Muchamad Arief Soendjoto⁸, Yuyun Hidayat⁹

^{1,2,3,4,5,6}Fakultas MIPA Universitas Lambung Mangkurat;

⁷Fakultas Kedokteran Universitas Lambung Mangkurat;

⁸Fakultas Kehutanan Universitas Lambung Mangkurat;

⁹Fakultas MIPA Universitas Padjadjaran

*Penulis korespondensi: tbsusilo@ulm.ac.id

Received: 16 Februari 2024 / Accepted: 25 Februari 2024

Abstract

This community activity program (PKM) is part of public education for the endemic or *post-covid-19* period. PKM review as follows; After the determination of the structure of DNA by Watson-Crick, the amplification and sequencing of DNA by Mullis and Sanger, and the *Human Genome Project* read 3.055 billion sequences of human base pairs in the 21st century. DNA/protein data banks or biological information have been established such as; NCBI, DDBJ and EMBI have contained over 500 million DNA sequences of various species. This bank is the source of *genomics*, *proteomics*, *metabolomics* and *economics* at the same time, in the future. For Carpentier and Daudna, it is not just an extraordinary number of DNA sequences but a priceless treasure, why? Because she is not illiterate in reading DNA sequences, because he is able to select and sort which fragments are *palindromics* and which are not. Which *genes are musics* and which are not. Which are *antibody* encoding *memory genes* and which are not. In short, the entire *genetic* problem of the human body can be read, in this *Human Genome Project*. So, do we still want to close our eyes? The *structural equation modeling* (SEM) method with *pretest* and *post test* on the writing of the origin of PCR. The test results were shown to 32 respondents aged around 18 years and 12 respondents aged around 19 years, respectively as follows; very understand (0), understand (80.55), less understand (19.45) and do not understand (0); and very understand (4.16), understand (82.83), less understand (13.03) and do not understand (0). The response to the urgency of PCR epistemology, for those aged 19 years old understood more than respondents aged 18 years, although the difference was not significant.

Keywords: Frederick Sanger, Human Genome Project, palindromics

Abstrak

Program kegiatan masyarakat (PKM) ini merupakan bagian edukasi publik terhadap masa endemi or *post-covid-19*. Ulasan PKM sebagai berikut ini; Setelah penentuan struktur DNA oleh Watson-Crick, setelah amplifikasi dan pengurutan DNA oleh Mullis dan Sanger, selanjutnya *Human Genome Project* membaca 3,055 milyar urutan pasang basa manusia abad 21 ini. Bank-bank data DNA/protein atau informasi biologi telah berdiri seperti; NCBI, DDBJ dan EMBI telah memuat lebih 500 juta urutan DNA berbagai jenis species. Bank ini sumber *genomics*, *proteomics*, *metabolomics* dan *economics* sekaligus, pada masa depan. Bagi Carpentier dan Daudna bukan hanya sekedar jumlah urutan DNA yang luar biasa tetapi harta karun yang tidak ternilai harganya, mengapa? Karena dia tidak buta huruf membaca urutan DNA, karena dia mampu memilih dan memilah mana fragmen yang *palindromics* mana yang bukan. Mana yang *genes musics* mana yang bukan. Mana *genes memory* penyandi *antibody* mana yang bukan. Ringkasnya seluruh persoalan *genetic* tubuh manusia dapat dibaca, di *Human Genom Project* ini. Jadi, apakah kita tetap ingin menutup mata. Metode *structural equation modelling* (SEM) dengan uji *pretest* dan *post test* terhadap tulisan asal usul PCR ini. Hasil uji ditunjukkan kepada 32 responden berumur kisaran 18 tahunan dan 12 responden berumur kisaran 19 tahunan, berturut-turut sebagai berikut; sangat mengerti (0), mengerti (80,55), kurang mengerti (19,45) dan tidak mengerti (0); dan sangat mengerti (4,16), mengerti (82,83), kurang mengerti (13,03) dan tidak

mengerti (0). Respon terhadap urgensi epistemologi PCR, untuk yang merumur 19 tahunan lebih mengerti daripada responden yang berumur 18 tahun, walaupun perbedaannya tidak nyata.

Kata kunci: Frederick Sanger, *Human Genom Project*, *palindromics*

1. PENDAHULUAN

Merujuk pada Penyederhanaan Standar Penelitian dan Standar Pengabdian Kepada Masyarakat pada Permendikbudristek Republik Indonesia, No. 53 Tahun 2023, tentang penjaminan mutu pendidikan tinggi, bahwa pelaksanaan tri darma perguruan tinggi diperlukan suatu inovasi yang luwes dan luas, dengan menghubungkan antara pendidikan, pengabdian dan penelitian yang semakin dekat, lebih menyatu, *massive* dan *compactness*. Upaya ini dilakukan dengan merujuk kepada aturan di atas, *men-down grade* metodologi penelitian menjadi suatu penyuluhan dan pengabdian masyarakat, yaitu berupa teknologi *polymerase chain reaction* (PCR) di taman minggu raya, Banjarbaru (Susilo, *et. al.*, 2023c)

Taman Minggu Raya, diarsitekturi oleh Van Der Pijl (Belanda), bekerja di kota Banjarbaru sejak tahun 1950an, bersama sebagai Dr. Murjani, sebagai pimpinan kota Banjarbaru, waktu itu. Beberapa gedung, dan sekitar balai kota merupakan karyanya yang menonjol, termasuk taman Minggu Raya dan taman Van Der Pijl, sebagai ruang publik. Program Kegiatan Masyarakat (PKM) ini dilakukan di Minggu Raya, mempunyai tantangan tersendiri. Bukan karena tempat berkumpulnya intelektual, millenneal, pemusik-musisi, seniman, wartawan, fotografer dan pelukis, ringkasnya banyak profesi, tetapi karena tema penyuluhan asal usul *Polymerase Chain Reaction* (PCR) yang masih relevan untuk kesehatan manusia masa kini dan depan.

1.1 Mitra

Mitra PKM adalah komunitas minggu raya. Tempat ini memiliki multifungsi antara lain pementasana seni, dialog kesenian, dinamai dialog kebudayaan sekarang. Lokasi ruang publik ini terletak di jalan A. Yani, KM 32, Kota Banjarbaru, Kalimantan Selatan. PKM ini dilakukan di tempat ini, dengan cara memberi ulasan epistemologi PCR, suatu ulasan lanjutan menjelaskan asal usul intelektualitas PCR. Peralatan ini telah menyelamatkan lebih dari 6 milyar manusia di permukaan bumi. Selanjutnya responden, memberi umpan balik lewat *google form* dan/atau *ipod broadcasting* (podcast) dilakukan mahasiswa sebagai sasaran (Susilo, *et. al.*, 2023c).

WHO (*World Health Organisation*) dan pemerintah Republik Indonesia, telah mencabut status kedaruratan pandemi *covid-19*. Penurunan status ini bukan berarti virus *covid-19* itu punah, tidak ada disekitar lingkungan. Mengapa terjadi demikian itu? Karena *host* atau inang *covid-19* tidak lain dan bukan adalah manusia. Komunalitas dengan mobilitas yang tinggi berfungsi sebagai agen pembawa (*carrier*) virus. Selanjutnya WHO memiliki *standart diagnose/deteksi* virus dengan metode PCR. *Efficacy* atau pansea atau keampuhan PCR telah teruji dan dapat ditelusuri melalui epistemologi PCR. Hal ini tetap relevan untuk digunakan pada masa sekarang dan mendatang. Gambar 1. Menunjukkan beberapa hasil artikel PKM telah menjadi bahan literasi lokal untuk didepositkan pada perpustakaan *virtual* pada komunitas Masyarakat Budaya Kalimantan Selatan.

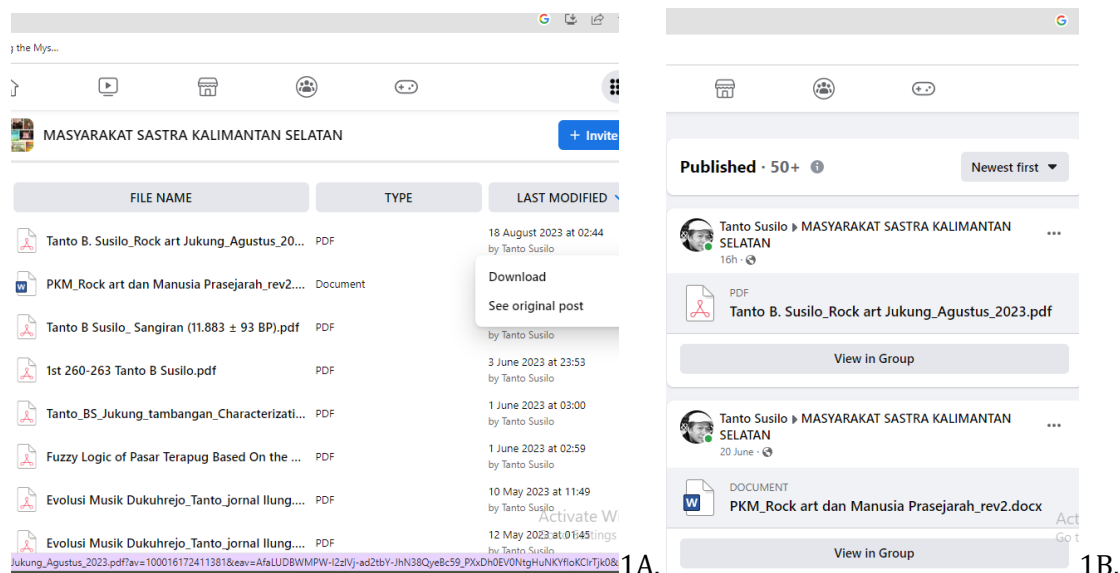
1.2 Sasaran dan Manfaat

Sasaran dan target PKM adalah para *millenneal*/mahasiswa dengan tema penyuluhan asal usul intelektualitas PCR, dimana pada masa pandemi telah menyelamatkan 6,5 milyar manusia dan mempunyai relevansi yang kuat dengan kesehatan masa kini dan depan. Berdasarkan pengetahuan akdemis dan elaborasi pengetahuan asal (*epistemology cognitive*) PCR maka kajian terhadap kewaspadaan kesehatan masih relevan untuk

dibicarakan ulang. Membahas ulang teknologi asal usul intelektual PCR berarti memahami ulang untuk menyoal apakah inovasi PCR dapat dilakukan dan pada tahapan mana PCR dapat dikembangkan di masyarakat?, apakah tahap konvensional, apakah tahap semi otomatis atau tahap otomatis (*real time*).

1.3 Asal Usul PCR

Istilah asal usul pengetahuan PCR atau epistemologi PCR mengacu pada studi tentang bagaimana pengetahuan itu bertumbuh (Susilo, *et. al.*, 2023c). Dalam epistemologi PCR ini, melibatkan pemahaman tentang bagaimana memperoleh pengetahuan tentang prinsip-prinsip, mekanisme, aplikasi, keterbatasan, dan implikasinya. PCR adalah teknik biologi molekuler yang banyak digunakan dan memungkinkan para ilmuwan untuk mengandakan/mengamplifikasi segmen DNA tertentu yang melibatkan aktifitas enzim DNA *polymerase*. Proses aktifitas enzim ini melibatkan serangkaian perubahan suhu untuk denaturasi, penempelan/*annaelling*, dan memperpanjang untaian DNA. Amplifikasi menghasilkan jumlah secara eksponensial pada DNA target. Berikut ini bagaimana epistemologi PCR dapat dijelaskan dengan pendekatan antara lain: Pertama, Perkembangan sejarah PCR dapat dikembangkan dari waktu ke waktu. Menelusuri tentang asal-usul PCR, para ilmuwan yang terlibat (seperti Kary Mullis, penemu PCR), dan konteks awal saat PCR diperkenalkan.



Gambar 1. Perpustakaan *virtual*. Berpartisipasi dalam pengkayaan literasi lokal berupa di situs Masyarakat Budaya Kalimantan Selatan di Minggu Raya, <https://www.facebook.com/groups/arushastra/files/files> (1A). Deposit lebih dari 50 karya fiksi dan non fiksi seperti Jurnal Pengabdian Ilung ULM, dan *proseeding* Internasional sejak 2010-2023, (Susilo, *et. al.*, 2023a, 2023b, 2023c, 2023d dan 2023e) dapat dinikmati masyarakat umum, terutama informasi ilmiah lokal Kalimantan (1B).

Kedua, prinsip-prinsip ilmiah yang mendasari PCR. Ini termasuk memahami konsep-konsep seperti denaturasi DNA, annealing primer, dan polimerisasi DNA. Dapatkan wawasan tentang mengapa suhu dan kondisi reaksi tertentu sangat penting untuk setiap langkah. Terakhir pengamatan empiris: pengamatan eksperimental dan data mendukung PCR. Hal ini dapat melibatkan studi tentang bagaimana peneliti memverifikasi bahwa teknik ini memang menghasilkan hasil yang diharapkan, seperti reproduktibilitas, validitas dan

reliabilitas PCR. Direncanakan ditulis dalam artikel “Validasi rakitan mandiri PCR sederhana “mendatang.

2. METODE

Untuk mengetahui persepsi dan respon kegiatan PKM dilibatkan 47 milineal/mahasiswa, yang datanya diolah dengan metode *Structural Equation Modelling* (SEM) (Susilo, *et. al.*, 2022a, 2022b, 2022c, 2022d dan 2022e). Beberapa pertanyaan terhubung dengan pengetahuan (*cognitive*) dan sikap mental (*affective*) terkait *human genome project*, *Palindromic DNA*, pemikiran Frederick Sanger dan Kary Mullis tentang PCR, Pemikiran Jenniver Daudna-Immanuelle Carpentier, dan bank data DNA; NCBI, DDBJ dan EMBI. Sebagai tambahan artikel ini bagian laporan pengabdian masyarakat yang telah dilakukan berupa *podcast* di Minggu Raya, Banjarbaru tahun 2021.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Penyuluhan asal mula teknologi *polymerase chain reaction* bagi komunitas minggu raya, dimulai dengan; membahas ulang asal usul/epistomologi DNA (Susilo, *et. al.*, 2023) suatu uraian DNA dimulai dari struktur fundamental biomolekul DNA oleh Watson, dan Crick, pertama kali tahun 1953, sebagai awal dimulainya rekayasa genetika. Revolusi metodologi rekayasa DNA menghasilkan informasi biologi (bioinformatika) yang meningkat secara eksponensial, sejak tahun 1980an. Bank-bank data tempat menyimpan informasi biologi atau urutan DNA/protein berdiri pada tahun itu juga, seperti. NCBI, DDBJ dan EMBI. Ketiga bank data ini telah mengkoleksi kisaran 500 juta urutan atau big (bank) data DNA pada tahun 2020. Pengelolaan big data memerlukan tool untuk artificial inteligent (AI). Pengelolaan dan pengolahan tambang data (*mining*) pada big data dapat memproduksi atau menghasilkan ilmu baru atau informasi yang sebelum tidak ada seperti rate mutation dan evolution (Susilo, 2010; Daris, 2022; Agustina, 2022; Jariyah, 2022; Sidabariba 2022 dan Nurk, *et. al.*, 2022). Semua hasil dan perkembangan PCR tidak terlepas atas metodologi dan validasi PCR.

Tabel 1. Rekapitulasi hasil ringkasan respon terhadap 47 mahasiswa terhadap penyuluhan pentingnya membahas asal usul PCR yang merupakan bagian kedua (2). Beberapa pertanyaan yang di ajukan terdapat pada kolom satu. Kolom berikutnya adalah prosentase pemahaman mahasiswa setelah evaluasi.

Tabel. 1. Hasil ringkasan respon asal usul PCR (bagian 2).

No.	Pertanyaan	Prosentase (%)							
		Millenneal umur 18 tahunan				Millenneal umur 19 tahunan			
		Sangat mengerti	Mengerti	Kurang mengerti	Tidak mengerti	Sangat mengerti	Mengerti	Kurang mengerti	Tidak mengerti
1.	Pemikiran Frederick Sanger dan Kary Mullis tentang PCR	0	100	0	0	3,2	87,5	9,4	0
2.	Palindromic DNA	0	91,7	8,3	0	3,1	93,8	3,1	0
3.	<i>Human genome project</i>	0	75	25	0	3,1	75	21,9	0
4.	Membaca mega/Big data DNA	0	58,3	41,7	0	6,2	68,8	25	0
5.	Bank NCBI, DDBJ dan EMBI	0	75	25	0	3,1	84,4	12,5	0
6.	Pemikiran Jenniver Daudna	0	83,3	16,7	0	6,25	87,5	6,25	0
	Rata-rata	0	80,55	19,45	0	4,16	82,83	13,03	0

Ulasan terhadap pertanyaan; bagaimana pemikiran Frederick Sanger dan Kary Mullis tentang PCR, bagaimana konsep *Palindromic DNA*, apa urgensi *human genome project*, apa urgensi urutan DNA dari gen bank NCBI, DDBJ dan EMBI, dan terakhir; bagaimana pemikiran Jenniver Daudna-Immanuelle Carpentier (kolom satu, tabel 1), diuraikan secara berurutan, sebagai berikut;

3.1 Perakitan PCR Adalah Pemikiran Mullis-Sanger

Epistemologi PCR memiliki relevansi yang tinggi dengan perkembangan kesehatan masyarakat manusia, sekarang dan mendatang (Susilo, *et. al.*, 2023c). Adapun intelektualitas PCR dapat dimulai dengan beberapa tonggak batu (*milles stone*) beberapa temuan atau invensi yang dilakukan oleh beberapa tokoh ilmuwan sains dibidang biologi molecular, seperti dapat dijelaskan sebagai berikut ini; Setelah *agent* transformasi sel ditemukan oleh Frederick Griffith, setelah Oswald Avery, Colin MacLeod dan Maclyn McCarty mendeterminasi bahwa *deoxyribose nucleotide acids* (DNA) sebagai *agent transformer* bakteri *patogen* (*Streptococcus pneumoniae*), setelah Chargaff (1950) berhasil menemukan susunan DNA berbeda dari satu spesies ke spesies lainnya, dan menentukan pasangan basa nitrogen C(*cytosine*): G(*guanine*) atau (C≡G) dan T (*tymine*): A (*adenine*) atau (AT=T), setelah penemuan struktur DNA *double helix* oleh James Watson dan Francis, dengan bantuan Maurice Wilkins dan Rosalind Franklin, setelah tahun 1960-an. Marshall Nirenberg, Gamow, dan Khoran, (1954), dan Moffatt, and Khorana, (1961) dan Holley., (1965) menemukan etimologi *codon ribose nucleotide acids* (RNA) ditranslasikan menjadi ke 20 asam amino, maka Kary Mullis membuka kotak pandora mega *codon* RNA dan DNA manusia. Dialah, ilmuwan yang melakukan mekanisasi amplikasi DNA buat pertama. Alat mekanisasi DNA/RNA adalah *polymerase chain reaction* (PCR) tahun 1983. Penulis sendiri juga telah membuat *prototype* alat PCR ini dan mempublikasikan dalam seminar Nasional Himpunan Kimia Indonesia atau HKI, yang diikuti lebih 300 peserta dari Aceh-Papua, tahun 2021 (<https://www.youtube.com/watch?v=V9mJRqOz0g8>).

Bagaimana pikiran Kary Mullis (1986, dan 1990) bekerja dalam menemukan PCR? Tentunya dia membaca ulang karya tokoh-tokoh *biomolecular* sebelumnya, dari Griffith ke Khorana atau Holley, dan tidak luput membaca "*dogma central of life-nya*" karya Watson-Crick. Ini semua dapat dilihat dari jejak peralatan fungsional PCR yang telah dibuat. Begini pokok soalannya dan bahasannya; pertama, memahami konsep replikasi DNA bukan hanya

biochemicalnya saja tetapi struktur dan fungsi *inter* dan *intra biomolecular* DNA. *Inter molecular* berarti merujuk pada interaksi *biochemical* terhadap struktur DNA dan *intra molecular* berarti mengetahui dampak interaksi *biochemical* terhadap *inherent* atau *intra biomolecular* struktur DNA sendiri. Terakhir, membuat inovasi substitusi DNA *polimerase non thermophilic* menjadi *thermophilic*. Ini semua dapat dilakukan setelah memahami secara menyeluruh, *comprehensive*, dan mendalam mekanisme replikasi *in vivo*. Jadi PCR replikasi *in vitro* sekaligus tiruan proses *in vivo* dalam sel. Bagi pembaca yang berminat silahkan membaca dan mendengarkan link youtube di atas.

Sanger *et. al.*, (1977) dan Anderson, *et. al.*, (1981), melakukan *sequencing* pada mitokondria DNA dan sekaligus unit asam amino. Jasa dan dedikasinya yang luar biasa sebagai cermin *dignity* sebagai ilmuwan sejati. Bagaimana alam pikirnya bekerja? Begini *fuzzy logic*-nya; lagi-lagi setelah Watson-Crick (1953) menentukan struktur DNA, menentukan urutan posisi-posisi gugus fungsi yang berikatan pada unit monomer pentosa gula pada atom C1' (basa nitrogen), C2' (gugus hidroksil), C3' (gugus hidroksil), C4' (gugus metil) dan C5' (gugus fosfodiester). Maka intuisi pikiran Sanger tertuju pada C3' dan C5', setelah menambah *deoxy* pada C2' menjadi *dideoxy* pada C3' pada masing-masing unit DNA atau mengubah dari *deoxynucleotide triphosphate* (dNTP) menjadi *dideoxynucleotide triphosphate* (ddNTP) bergeser kisaran 8-16 amstrong. Penambahan ini berakibat pada terhentinya aktivitas DNA polymerase pada masing-masing unit DNA, misalnya berhenti pada *deoxynucleotide triphosphate adenine* (ddNTPA), *deoxynucleotide triphosphate guanine* (ddNTPG), *deoxynucleotide triphosphate thymine* (ddNTPT), dan *deoxynucleotide triphosphate cytosine* (ddNTPC). Bagi pembaca budiman yang berkenan mengetahui lebih jauh silahkan, membaca ulang tulisan Watson-Crick tentang PCR dan tulisan Sanger tentang *sequencing* DNA, atau metode *dideoxynucleotide triphosphate* (ddNTP). Pengurutan DNA berupa 5'AGATACAGTACAGTC3'. Jadi di sini, metode ddNTP Sanger merupakan modifikasi PCR karya Kary Mullis. Urutan DNA adalah informasi *genetic code*, informasi *geneology* asal muasal kehidupan sel. Bila pembaca budiman berkenan silahkan membaca *fuzzy logic* metode (oto)biografi (1), (2), dan (3) atau juga melihat proses pembuatan mesin PCR (<https://www.youtube.com/watch?v=V9mJRqOz0g8>).

3.2 Membaca Urutan DNA dan *Palindromics*

Hal yang terpenting, setelah menguasai teknologi PCR adalah membaca urutan atau sekuens DNA seperti membaca sekuens palindromik dalam DNA mengacu pada sekuens yang dibaca "sama ke belakang (*backward*) dan ke depan (*forward*)" (dari 5'ke 3' *forward*, dari 5'ke 3' *backward*) pada untai komplementer. Urutan ini berfungsi dalam berbagai proses biologis. Ada beberapa jenis urutan palindrom dalam DNA, antara lain; pertama, Situs pengenalan enzim pemotong/restriksi. Banyak enzim restriksi, yang merupakan enzim yang memotong DNA pada urutan tertentu, mengenali urutan palindromik. Sekuens ini sering kali bersifat palindromik karena harus dikenali pada kedua untai DNA agar pembelahan dapat terjadi. Sebagai contoh, enzim restriksi *EcoRI* mengenali urutan palindromik GAATTC, yang terbaca sama maju dan mundur pada kedua untai DNA. Kedua, struktur sekunder DNA: Urutan palindromik dapat membentuk struktur jepit rambut atau struktur salib dalam DNA. Struktur sekunder ini terbentuk ketika sekuens komplementer dalam satu untai basa DNA berpasangan satu sama lain. Sekuens palindromik cenderung membentuk struktur seperti itu karena kemampuannya untuk membentuk pasangan basa komplementer dengan dirinya sendiri. Terakhir, situs pengikatan faktor transkripsi: Sekuens palindromik juga dapat berfungsi sebagai tempat pengikatan untuk faktor transkripsi, protein yang mengatur ekspresi gen dengan mengikat sekuens DNA tertentu. Sekuens palindromik ini sering ditemukan di daerah promotor gen dan memfasilitasi pengikatan faktor transkripsi, sehingga mengatur ekspresi gen.

Ringkasnya, dengan selesainya *genom project* artinya seluruh informasi dan fungsi genetika manusia mulai terkuak, termasuk penyakit manusia, masa kini dan depan. Sekuens

palindromik dalam DNA memainkan berbagai peran dalam replikasi DNA, perbaikan, dan regulasi ekspresi gen, dalam biologi molekuler dan genetika.

3.3 Human Genome Project (HGP)

Projek membaca urutan DNA terbesar saat ini adalah HGP. Suatu konsorsium amplifikasi dan *sequencing* DNA manusia sebesar 3,055 milyar atau $3,055 \cdot 10^9$ atau 3,055 mega pasang basa (pb) (Nurk, *et. al.*, 2022). Judul artikelnya "*The complete sequence of a human genome*" diterbitkan pada jurnal bereputasi tinggi pada *Science*. Mega urutan DNA ini informasinya dapat diklompokkan sebagai berikut; bagian protein *coding* dan *non coding*, bagian promoter pra *protein coding*, bagian penyimpan memory *antibody* atau *palindromic* dan lainnya.

Human Genom Project (HGP) pertama kali, dianjurkan oleh Renato Dulbecco tahun 1984. Dukungan penting untuk HGP datang dari Departemen Energi AS pada tahun 1986. Akibatnya, lebih awal proyek genom didirikan pada tahun 1987 (*Nasionale Human Genome Research Institute*–NHGRI 2012) memerlukan dana \$3 miliar selama 15 tahun. Semua hasilnya di publikasikan pada jurnal *Nature*. Di pihak lain (swasta), Craig Venter melalui perusahaannya *Celera Genomics*, mengumumkan dimulai penelitian HGP pada tahun 1998. Pada Februari 2001, jurnal *Science* melaporkan hasil *research* pihak swasta (Venter *et al.* 2001). Pada 2015, HGP menghasilkan kisaran 20.000–25.000 gen. Semua data urutan DNA tersimpan dalam bank DNA, seperti DDBJ, NCBI dan EMBI.

Aplikasi HGP atau *sequencing genome* manusia secara keseluruhan merevolusi pemahaman tentang arti strategisnya kajian evolusi manusia, penyebab dan mekanisme penyakit, dan interaksi kompleks antara gen dan lingkungan (*linguistics, musics* dan *cultures*). Kalau dilihat dari hubungan *dogma central of live* bahwa keseluruhan urutan DNA atau *genomics*, berimplikasi *proteomics, metabolomics*, dan terakhir pada *economics*. Berbasis genom penelitian pada akhirnya akan memungkinkan ilmu kedokteran untuk mengembangkan alat diagnostik yang sangat efektif, untuk lebih memahami kebutuhan kesehatan berdasarkan susunan genetik individu, dan untuk merancang perawatan baru yang disesuaikan untuk penyakit. HGP ini menginspirasi *Musics Genom Project* (MGP), *Simpanzee Genome Project* (SGP), dan bersama 100 *genome project* lainnya (Nurk, *et. al.*, 2022).

3.4 Pemikiran Jenniver Daudna-Immanuelle Carpentier

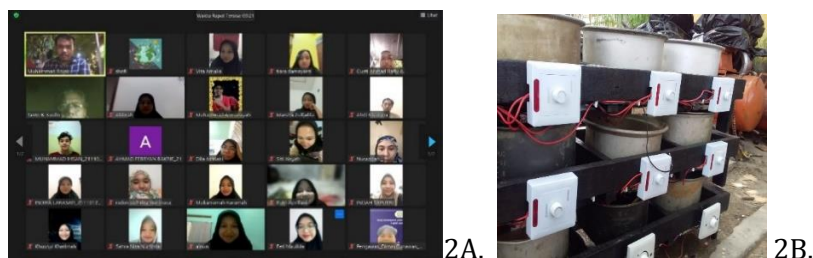
Pada sel prokariot dan eukariot terdapat fragment DNA yang mampu menyimpan memory gen immun pada *Clustered regularly interspaced short palindromic repeats* (CRISPR) (Jinek, *et. al.*, 2012, dan Deltcheva, *et. al.*, 2011). Enzim *endonuclease* mengenali sisi *palindromic* untuk dipotong, dan disisipkan *gen memory immun*. Palindromic berupa urutan DNA pendek yang berulang terletak *interspace* pada kelompok gen regulator (*clustered regularly*) begitu ulasan Horvath, and Barrangou, (2010). Sistem CRISPR/Cas adalah suatu sistem kekebalan prokariota yang memberikan perlawanan terhadap unsur genetik asing seperti yang hadir dalam plasmid dan bakteriofag yang menyediakan bentuk sistem imun adaptif. RNA menyimpan urutan pengatur jarak yang membantu protein Cas mengenali dan memotong eksogen DNA. Protein *Cas* yang dipandu RNA lainnya memotong RNA asing. CRISPR ditemukan sekitar 40% dari genom bakteri yang telah disekuensing dan selanjutnya 90% bakteri arkea yang telah disekuensing.

Versi sederhana CRISPR/Cas yang disebut CRISPR/Cas9 telah digunakan untuk memodifikasi genom. Genom sel dapat dipotong ke tempat yang diinginkan, sehingga gen yang ada dapat dihilangkan dan yang baru ditambahkan. Teknik ini dapat digunakan untuk berbagai macam hal, dari kedokteran hingga peningkatan mutu bibit. Selanjutnya, praktikum mendesain obat (*drug design*) dan/atau palindromi DNA juga telah dilakukan oleh program studi kimia, FMIPA ULM link; <https://youtu.be/lnGlzugJzXg>; <https://youtu.be/u86lph3Ezts>; <https://youtu.be/jsN83TLfoIE>; <https://youtu.be/G68E9JQ5joU>; https://youtu.be/oTQG5_hKYYw; <https://youtu.be/...>

<https://youtu.be/LnTqN2CIUv8>; https://youtu.be/zgTSXGtj_k4; https://youtu.be/pWOU_q-ykUE;
<https://youtu.be/LpsYR-AdTGO>; <https://www.youtube.com/watch?v=XbkHgdCbpZg>;
<https://youtu.be/uSybN7Ht3fU>; https://www.youtube.com/watch?v=1p_3soG8kU8.
https://drive.google.com/folderview?id=10I3VlvW4Thysp6ErGX0dg8_R7V0qvZo9 (untuk tema *palindromic*).

3.5 Dokumen Kegiatan

Banyak wartawan dan fotografer nongkrong di tempat ini. Di sini juga, tempat aktivitas para seniman, musisi, pelukis dan sastra berkumpul. Salah satu dokumen pengabdian masyarakat yang dilakukan di Minggu Raya, Banjarbaru, tahun 2021 (Gambar 2).



Gambar 2. Kegiatan PKM di taman, Minggu Raya. Podcast epistemologi DNA (2A) dan hasil perakitan teknologi PCR (2B).

4. KESIMPULAN

Hasil uji epistemologi PCR, kepada 32 responden berumur kisaran 18 tahunan dan 12 responden berumur kisaran 19 tahunan, berturut-turut sebagai berikut; sangat mengerti (0), mengerti (80,55), kurang mengerti (19,45) dan tidak mengerti (0); dan sangat mengerti (4,16), mengerti (82,83), kurang mengerti (13,03) dan tidak mengerti (0). Respon terhadap urgensi epistemologi PCR, untuk yang merumur 19 tahunan lebih mengerti daripada responden yang berumur 18 tahunan, walaupun perbedaannya tidak nyata atau signifikan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terimakasih kepada Benyamin sebagai ketua komunitas Minggu Raya; Muhammad Yamani sebagai fotografer profesional komunitas Minggu Raya, dan Lembaga Penelitian dan Pengabdian Masyarakat, Universitas Lambung Mangkurat (LPPM ULM) sebagai pemberi hibah, dengan perjanjian kontrak no.: 137.180/UN8.2/AM/2022.

DAFTAR PUSTAKA

- Jariyah, A., (2022), Penentuan Mutasi dan Laju Pusat Sebaran *Cytochrome C Oxidase* Subunit I (*Co I*) mtDNA *Auroch* dari GenBank NCBI, *Skripsi*, FMIPA, ULM. (unpublish).
- Agustina, N., (2022), Penentuan Laju Mutasi dan Pusat Sebaran *Cytochrome C Oxidase* Subunit I (*Co I*) mtDNA *Auroch* dari GenBank NCBI, *Skripsi*, FMIPA, ULM. (unpublish).
- Anderson, S.; Bankier, A.T.; Barrell, B.G.; De Bruijn, M.H.; Coulson, A.R.; Drouin, J.; Eperon, I.C.; Nierlich, D.P.; Roe, B.A.; Sanger, F.; Schreier, P.H.; Smith, A.J.; Staden, R.; Young, I.G. (1981), "Sequence and organization of the human mitochondrial genome", *Nature*, **290** (5806): 457–465, [doi:10.1038/290457a0](https://doi.org/10.1038/290457a0)
- Dares, G. B., (2022), Analisis Laju Mutasi Dan Sebaran D-Loop MtDNA Anjing (*Canis Lupus Familiaris*) Dari Genbank NCBI, *Skripsi*, FMIPA, ULM. (unpublish).
- Deltcheva, E., Chylinski, K., Sharma, C. M., Gonzales, K., Yanjie Chao, Pirzada, Z. A., Eckert, M. R. Voge, J., and Charpentier, E., (2011), CRISPR RNA maturation by trans-encoded

small RNA and host factor RNase III, *Nature*; 471(7340): 602–607. doi:10.1038/nature09886.

Florensia, R., (2018), Analisis Populasi Sekuen *Genom* DNA Mitokondria Manusia (*Homo Sapiens*) Dari *Genbank* NCBI Dalam Upaya Membangun Database DNA Forensik, Skripsi, FMIPA, ULM. (unpublish).

Hershey, A. D., and Chase, M., (1952), Independent functions of viral protein and nucleic acid in growth of bacteriophage, *Journal of General Physiology* 36: 39-56

Horvath, P., and Barrangou, R., (2010), CRISPR/Cas, the Immune System of Bacteria and Archaea, *Science*, Vol 327, pp. 167-170, DOI: [10.1126/science.1179555](https://doi.org/10.1126/science.1179555)

https://drive.google.com/folderview?id=10I3VlvW4Thysp6ErGX0dg8_R7V0qvZo9

Praktikum palindromicDNA, Kimia FMIPA ULM, tahun 2021

<https://www.youtube.com/watch?v=V9mJRqOzOg8>, Seminar Nasional HKI di UNRAM, Lombok, NTB, Agustus 2021.

<https://www.youtube.com/watch?v=XbkHgdCbpZg>; <https://youtu.be/uSybN7Ht3fU>

https://www.youtube.com/watch?v=1p_3soG8kU8. Praktikum drug design

Kimia FMIPA ULM, tahun 2021

<https://youtu.be/lnGzugJzXg>; <https://youtu.be/u86Iph3Ezts>; <https://youtu.be/jsN83TLfoLE>; <https://youtu.be/G68E9JQ5joU>; https://youtu.be/oTQG5_hKYYw; <https://youtu.be/lnTqN2ClUv8>; https://youtu.be/zgTSXGtj_k4

https://youtu.be/pWOU_q-ykUE; <https://youtu.be/LpsYR-AdTGO>

Jinek, M., Chylinski, K., Fonfara, I., Hauer, M., Doudna, J. A., and Charpentier, E., (2012), A programmable dual RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity, *Science*, 337(6096): 816.

Mullis, K. F.; Faloona, F.; Scharf, S.; Saiki, R.; Horn, G.; Erlich, H. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chain reaction, *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*. 51: 263–273. doi:10.1101/sqb.1986.051.01.032

Mullis, Kary B., (1990). The Unusual Origin of the Polymerase Chain Reaction, *Scientific American*. 262 (4): 56–65. doi:10.1038/scientificamerican0490-56

Nurk, S., Sergey Koren, Arang Rhie, Mikko Rautiainen, Andrey V. Bzikadze, Alla Mikheenko, Mitchell R. Vollger, Nicolas Altemose, Lev Uralsky, Ariel Gershman, Sergey Aganezov, Savannah J. Hoyt, Mark Diekhans, Glennis A. Logsdon, Michael Alonge, Stylianos E. Antonarakis, Matthew Borchers, Gerard G. Bouffard, Shelise Y. Brooks, Gina V. Caldas, Nae-Chyun Chen, Haoyu Cheng, Chen-Shan Chin, William Chow, Leonardo G. de Lima, Philip C. Dishuck, Richard Durbin, Tatiana Dvorkina, Ian T. Fiddes, Giulio Formenti, Robert S. Fulton, Arkarachai Functammasan, Erik Garrison, Patrick G. S. Grady, Tina A. Graves-Lindsay, Ira M. Hall, Nancy F. Hansen, Gabrielle A. Hartley, Marina Haukness, Kerstin Howe, Michael W. Hunkapiller, Chirag Jain, Miten Jain, Erich D. Jarvis, Peter Kerpedjiev, Melanie Kirsche, Mikhail Kolmogorov, Jonas Korlach, Milinn Kremitzki, Heng Li, Valerie V. Maduro, Tobias Marschall, Ann M. McCartney, Jennifer McDaniel, Danny E. Miller, James C. Mullikin, Eugene W. Myers, Nathan D. Olson, Benedict Paten, Paul Peluso, Pavel A. Pevzner, David Porubsky, Tamara Potapova, Evgeny I. Rogaeve, Jeffrey A. Rosenfeld, Steven L. Salzberg, Valerie A. Schneider, Fritz J. Sedlazeck, Kishwar Shafin, Colin J. Shew, Alaina Shumate, Ying Sims, Arian F. A. Smit, Daniela C. Soto, Ivan Sovic, Jessica M. Storer, Aaron Streets, Beth A. Sullivan, Françoise Thibaud-Nissen, James Torrance, Justin Wagner, Brian P. Walenz, Aaron Wenger, Jonathan M. D. Wood, Chunlin Xiao, Stephanie M. Yan, Alice C. Young, Samantha Zarate, Urvashi Surti, Rajiv C. McCoy, Megan Y. Dennis, Ivan A. Alexandrov, Jennifer L. Gerton, Rachel J. O'Neill, Winston Timp, Justin M. Zook, Michael C. Schatz, Evan E. Eichler, Karen H. Miga, Adam M. Phillippy, (2022), The complete sequence of a human genome, *Science*, Vol 376, Issue 6588, pp. 44-53, DOI: 10.1126/science.abj698.

Oswald T. Avery, M.D., Colin M. Macleod, M.D., And Maclyn McCarty, (1943), Studies On The Chemical Nature Of The Substance Inducing Transformation Of Pneumococcal Types, *Journal Of Experimental Medicine* Vol 13. 136-159 p

Sanger, F.; Nicklen, S.; Coulson, A.R. (1977), DNA sequencing with chain-terminating inhibitors, *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, **74** (12): 5463–5467, [doi:10.1073/pnas.74.12.5463](https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463)

Sidabariba, G. I. D. S. (2022), Analisis Fragmen *Co I* MtDNA *Homo Sapiens* Dari Genbank NCBI, *Skripsi*, FMIPA, ULM. (unpublish).

Susilo, T. B, Fitria, R., Sidabariba, G. I. D. S., Mufidhah, S. A., Jariyah, A., Agustina, N., dan Safarina, T., (2022a), Penyimpan Gas Cair Khusus, *Jurnal Pengabdian Ilung*, Vol. 2, No. 2 November 2022, Hal. 330-336 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i2>.

Susilo, T. B, Rizki Fitria, Grace Indah Debora S. Sidabariba, Shofi Ainur Mufidhah, Ainun Jariyah, Nadila Agustina, Tazkia Safarina, (2022c), Penyimpan Gas Cair Khusus, *Jurnal Pengabdian Ilung*, Vol. 2, No. 2 November 2022, Hal. 330-336 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i2>

Susilo, T. B., (2010), Penentuan Laju Mutasi dan Pusat Sebaran *D-loop* mtDNA Manusia *Ancient* Sangiran, *Disertasi*, ITB (unpublish).

Susilo, T. B., (2023a), Podcast Seni Sebagai Media Pembelajaran Sains: Bukti Evolusi Musik Di Desa Dukuhrejo (5000 Tahun lalu), *Ilung* (Inovasi Lahan Basah Unggul) Vol. 2, No. 4 Mei 2023, Hal. 783-791 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i4>

Susilo, T. B., dan Soesanto, O., (2022a), *Fuzzy Logic* (Bagian 1): Senandung Lukisan Cadas Dari Situs Bukit Bangkai Untuk Pendidikan Wisata Masyarakat, *Jurnal Pengabdian Ilung*, Vol. 2, No. 1 Juli 2022, Hal. 122-130 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i1>

Susilo, T. B., dan Soesanto, O., (2022b), *Fuzzy Logic* (Bagian 1): Senandung Lukisan Cadas Dari Situs Bukit Bangkai Untuk Pendidikan Wisata Masyarakat, *Ilung* (Inovasi Lahan Basah Unggul), Vol. 2, No. 1 Juli 2022, Hal. 122-130 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i1>

Susilo, T. B., Irwan, A., Yunus, R., Bianchi, P. A. E., Sugiyanto, B. S., dan Soesanto, O., (2022c), *Fuzzy Logic* (Bagian 2): Bersenandung Dari Lukisan Cadas Ke Taman Perguruan Tinggi Kalimantan, *Jurnal Pengabdian Ilung*, Vol. 2, No. 2 November 2022, Hal. 244-253 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i2>

Susilo, T. B., Kamilia M., Nor Sobah., dan Rani S., (2022d), Studi biogeografis ikan kihung berbasis berat dan jenis molekul protein, dari Situs Bukit Bangkai, *Bioscientiae*, Volume 19, Nomor 1, Halaman 11-30 <https://ppjp.ulm.ac.id/journals/index.php/bioscientiae>.

Susilo, T. B., Mustikasari, K., Sobah, N., & Rani S., (2022e), Studi biogeografis ikan kihung berbasis berat dan jenis molekul protein, dari Situs Bukit Bangkai, *Bioscientiae*, Volume 19, Nomor 1, Halaman 11-30, <https://ppjp.ulm.ac.id/journals/index.php/bioscientiae>.

Susilo, T. B., Soendjoto, M. Arief., Soesanto, O., Mustaqima, R. A., Sasmita, R., Paola A. E. Bianchi., (2023b), Studi Biogeografis Ikan Puyau (*Osteochilus SP*) Berbasis Profil Protein Dari Danau Rowo Ijo, Situs Bukit Bangkai, *Bioscientiae*, Volume 20, Nomor 1, Januari 2023, Halaman 46-56 <https://ppjp.ulm.ac.id/journals/index.php/bioscientiae>

Susilo, T. B., Soesanto, O., Wahjono, S. C., Manik, T. N., Susanti, D. S., Dares, G. B., Thresye, Krisdianto, Hidayat, Y (2023c), Epistemologi Teknologi PCR Bagi Millinneal Post Covid-19 Di Minggu Raya, *Ilung*, Vol. 3, No. 2 November 2023, Hal. 247-262 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v3i2>

Susilo, T. B., Yunus, R., Irwan, A., Soesanto, O., Akbar, A. R. M., Fitria, R., dan Muktiningsih, (2023d), Perakitan Gas Chromatography Sederhana Untuk Pembelajaran Instrumen Pemisahan Senyawa Kimia, *Ilung*, Vol. 2, No. 4 Mei 2023, Hal. 691-697 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v2i4>

Susilo, T. B., Yunus, R., Sanjaya, R. E., Soesanto, O., Akbar, A. R. M., dan Hidayat, Y., (2023e), Penyuluhan Asal Mula Teknologi Vaksin Bagi Millinneal Pasca Covid-19 Di Minggu

Raya, *Ilung*, Vol. 3, No. 2 November 2023, Hal. 229-237 DOI: <https://doi.org/10.20527/ilung.v3i2>

Venter, J. C., Mark D. Adams, Eugene W. Myers, Peter W. Li, Richard J. Mural, Granger G. Sutton, Hamilton O. Smith, Mark Yandell, Cheryl A. Evans, Robert A. Holt, Jeannine D. Gocayne, Peter Amanatides, Richard M. Ballew, Daniel H. Huson, Jennifer Russo Wortman, Qing Zhang, Chinnappa D. Kodira, Xiangqun H. Zheng, Lin Chen, Marian Skupski, Gangadharan Subramanian, Paul D. Thomas, Jinghui Zhang, George . Gabor Miklos, Catherine Nelson, Samuel Broder, Andrew G. Clark, Joe Nadeau, Victor A. McKusick, Norton Zinder, Arnold J. Levine, Richard J. Roberts, Mel Simon, Carolyn Slayman, Michael Hunkapiller, Randall Bolanos, Arthur Delcher, Ian Dew, Daniel Fasulo, Michae Flanigan, Liliana Florea, Aaron Halpern, Sridhar Hannenhalli, Saul Kravitz, Samuel Levy, Clark Mobarry, Knut Reinert, Karin Remington, Jane Abu-Threideh, Ellen Beasley, Kendra Biddick, Vivien Bonazzi, Rhonda Brandon, Michele Cargill, Ishwar Chandramouliswaran, Rosane Charlab, Kabir Chaturvedi, Zuoming Deng, Valentina Di Francesco, Patrick Dunn, Karen Eilbeck, Carlos Evangelista, Andrei E. Gabrielian, Weiniu Gan, Wangmao Ge, Fangcheng Gong, Zhiping Gu, Ping Guan, Thomas J. Heiman, Maureen E. Higgins, Rui-Ru Ji, Zhaoxi Ke, Karen A. Ketchum, Zhongwu Lai, Yiding Lei, Zhenya Li, Jiayin Li, Yong Liang, Xiaoying Lin, Fu Lu, Gennady V. Merkulov, Natalia Milshina, Helen M. Moore, Ashwinikumar K Naik, Vaibhav A. Narayan, Beena Neelam, Deborah Nusskern, Douglas B. Rusch, Steven Salzberg, Wei Shao, Bixiong Shue, Jingtao Sun, Zhen Yuan Wang, Aihui Wang, Xin Wang, Jian Wang, Ming-Hui Wei, Ron Wides, Chunlin Xiao, Chunhua Yan, Alison Yao, Jane Ye, Ming Zhan, Weiqing Zhang, Hongyu Zhang, Qi Zhao, Liansheng Zheng, Fei Zhong, Wenyan Zhong, Shiaoping C. Zhu, Shaying Zhao, Dennis Gilbert, Suzanna Baumhueter, Gene Spier, Christine Carter, Anibal Cravchik, Trevor Woodage, Feroze Ali, Huijin An, Aderonke Awe, Danita Baldwin, Holly Baden, Mary Barnstead, Ian Barrow, Karen Beeson, Dana Busam, Amy Carver, Angela Center, Ming Lai Cheng, Liz Curry, Steve Danaher, Lionel Davenport, Raymond Desilets, Susanne Dietz, Kristina Dodson, Lisa Doup, Steven Ferriera, Neha Garg, Andres Gluecksmann, Brit Hart, Jason Haynes, Charles Haynes, Cheryl Heiner, Suzanne Hladun, Damon Hostin, Jarrett Houck, Timothy Howland, Chinyere Ibegwam, Jeffery Johnson, Francis Kalush, Lesley Kline, Shashi Koduru, Amy Love, Felecia Mann, David May, Steven McCawley, Tina McIntosh, Ivy McMullen, Mee Moy, Linda Moy, Brian Murphy, Keith Nelson, Cynthia Pfannkoch, Eric Pratts, Vinita Puri, Hina Qureshi, Matthew Reardon, Robert Rodriguez, Yu-Hui Rogers, Deanna Romblad, Bob Ruhfel, Richard Scott, Cynthia Sitter, Michelle Smallwood, Erin Stewart, Renee Strong, Ellen Suh, Reginald Thomas, Ni Ni Tint, Sukyee Tse, Claire Vech, Gary Wang, Jeremy Wetter, Sherita Williams, Monica Williams, Sandra Windsor, Emily Winn-Deen, Keriellen Wolfe, Jayshree Zaveri, Karena Zaveri, Josep F. Abril, Roderic Guigo', Michael J. Campbell, Kimmen V. Sjolander, Brian Karlak, Anish Kejariwal, Huaiyu Mi, Betty Lazareva, Thomas Hatton, Apurva Narechania, Karen Diemer, Anushya Muruganujan, Nan Guo, Shinji Sato, Vineet Bafna, Sorin Istrail, Ross Lippert, Russell Schwartz, Brian Walenz, Shibu Yooseph, David Allen, Anand Basu, James Baxendale, Louis Blick, Marcelo Caminha, John Carnes-Stine, Parris Caulk, Yen-Hui Chiang, My Coyne, Carl Dahlke, Anne Deslattes Mays, Maria Dombroski, Michael Donnelly, Dale Ely, Shiva Esparham, Carl Fosler, Harold Gire, Stephen Glanowski, Kenneth Glasser, Anna Glodek, Mark Gorokhov, Ken Graham, Barry Gropman Michael Harris, Jeremy Heil, Scott Henderson, Jeffrey Hoover, Donald Jennings, Catherine Jordan, James Jordan, John Kasha, Leonid Kagan, Cheryl Kraft, Alexander Levitsky, Mark Lewis, Xiangjun Liu, John Lopez, Daniel Ma, William Majoros, Joe McDaniel, Sean Murphy, Matthew Newman, Trung Nguyen, Ngoc Nguyen, Marc Nodell, Sue Pan, Jim Peck, Marshall Peterson, William Rowe, Robert Sanders, John Scott, Michael Simpson, Thomas Smith, Arlan Sprague, Timothy Stockwell, Russell Turner, Eli Venter, Mei Wang, Meiyuan Wen, David Wu, Mitchell Wu, Ashley Xia, Ali Zandieh, Xiaohong Zhu, (2001), *The Sequence of the Human Genome*, *Science*, Vol 291, Issue 5507, pp.1304-1351, DOI: 10.1126/science.1058040

Vischer, E., and Chargaff, E., (1948), The Separation and Quantitative Estimation of Purines and Pyrimidines in Minute Amounts, *J. Biol. Chem.* 176, 703–714)

Watson, J. D., and Crick, F. H. C., (1953), Molecular Structure of Deoxypentose Nucleic Acids, *Nature*, Vol. 171.

Yahya, Y., (2021), Kajian Molecular Docking Turunan Kalkon Pada Enzim *Plasmodium falciparum Dihydrofolate Reductase–Thymidylate Synthase* (PfDHFR-TS) Dan *Plasmodium Vivax Dihydrofolate Reductase–Thymidylate Synthase* (PvDHFR-TS) Sebagai Kandidat Obat Antimalaria, *Skripsi*, FMIPA, ULM. (unpublish).