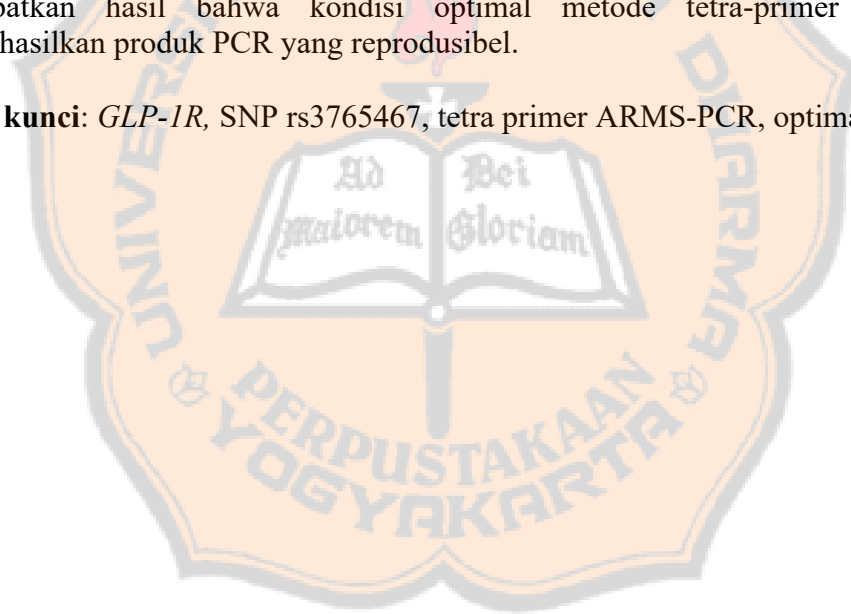


ABSTRAK

Variasi genetik yang paling umum ditemukan pada manusia adalah *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), yang ditandai dengan adanya perbedaan satu basa nukleotida di posisi spesifik dalam genom. Salah satu SNP teridentifikasi pada gen *GLP-1R*, tepatnya pada alel rs3765467. SNP yang terjadi pada alel rs3765467 adalah berupa pergantian basa nukleotida ke-392 di ekson 5, yaitu (G) menjadi (A). SNP dapat diidentifikasi dengan metode tetra primer *Amplification Refractory Mutation System-Polymerase Chain Reaction* (ARMS-PCR). Tetra primer ARMS-PCR memiliki akurasi yang baik dan efisien dalam mengidentifikasi SNP saat dioptimalkan dan telah divalidasi. Pada penelitian ini dilakukan optimasi dan validasi identifikasi SNP *GLP-1R* rs3765467 menggunakan metode tetra primer ARMS-PCR secara eksperimental murni dengan rancangan deskriptif analitik. Optimasi dilakukan untuk menetapkan kondisi optimal PCR yang meliputi suhu *annealing*, konsentrasi primer, dan jumlah siklus PCR. Didapatkan kondisi optimal PCR adalah pada suhu *annealing* 62,8°C; konsentrasi primer 20 pmol/μL; dan jumlah siklus PCR 30x. Validasi dilakukan untuk memastikan tingkat akurasi-presisi dari hasil optimasi dan dilakukan dengan uji reproduibilitas. Didapatkan hasil bahwa kondisi optimal metode tetra-primer ARMS-PCR menghasilkan produk PCR yang reproduibel.

Kata kunci: *GLP-1R*, SNP rs3765467, tetra primer ARMS-PCR, optimasi, validasi.



ABSTRACT

The most common genetic variation found in humans is Single Nucleotide Polymorphism (SNP), which is characterized by the presence of a difference in one nucleotide base at a specific position in the genome. One of the SNPs was identified in the *GLP-1R* gene, precisely in the rs3765467 allele. The SNP that occurs in the rs3765467 allele is a change of the 392nd nucleotide base in exon 5, namely (G) to (A). SNPs can be identified using the tetra primer Amplification Refractory Mutation System-Polymerase Chain Reaction (ARMS-PCR) method. ARMS-PCR tetra primers have good accuracy and are efficient in identifying SNPs when optimized and validated. In this study, optimization and validation of the identification of the *GLP-1R* rs3765467 SNP were carried out using the tetra primer ARMS-PCR method purely experimentally with a descriptive analytical design. Optimization is carried out to determine optimal PCR conditions which include annealing temperature, primer concentration, and number of PCR cycles. It was found that the optimal PCR conditions were at an annealing temperature of 62.8°C; primer concentration 20 pmol/μL; and the number of PCR cycles is 30. Validation is carried out to ensure the level of accuracy and precision of the optimization results and is carried out using reproducibility tests. The results showed that the optimal conditions for the tetra-primer ARMS-PCR method produced reproducible PCR products.

Keywords: *GLP-1R*, SNP rs3765467, tetra primer ARMS-PCR, optimization, validation.