



## Identifikasi *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) Di Ekson 10 Bagian Awal Pada Gen *Follicle Stimulating Hormone Receptor* (FSHR) Sapi Pesisir

### *Identification of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) in Early Exon 10 of Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR) Gene in Pesisir Cattle*

Tinda Afriani<sup>1\*</sup>, Endang Purwati<sup>2</sup>, James Hellyward<sup>3</sup>, Jaswandi<sup>2</sup>, Mangku Mundana<sup>1</sup>, Anna Farhana<sup>2</sup>, Adisti Rastosari<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Animal Production Technology, Faculty of Animal Science, Universitas Andalas. Limau Manis, Pauh, Padang City, Sumatera Barat Province, Indonesia

<sup>2</sup> Department Reproduction Biotechnology, Faculty of Animal Science, Universitas Andalas. Limau Manis, Pauh, Padang City, Sumatera Barat Province, Indonesia

<sup>3</sup> Department of Livestock Business and Development, Faculty of Animal Science, Universitas Andalas. Limau Manis, Pauh, Padang City, Sumatera Barat Province, Indonesia

\* Corresponding Author. E-mail address: [tindaafriani@ansci.unand.ac.id](mailto:tindaafriani@ansci.unand.ac.id)

#### ARTICLE HISTORY:

Submitted: 20 July 2022

Accepted: 21 November 2022

#### KATA KUNCI:

Gen FSHR

PCR

Sapi Pesisir

SNP

#### KEYWORDS:

FSHR gene

PCR

Pesisir cattle

SNP

#### ABSTRAK

Tujuan penelitian ini yaitu mengidentifikasi keragaman genetik di ekson 10 bagian awal pada gen FSHR atau *follicle stimulating hormone receptor* sapi Pesisir. Sampel darah yang digunakan yaitu 70 sampel darah dari sapi Pesisir betina umur 2-5 tahun yang didapat dari BPTUHPT Padang Mengatas Sumatera Barat. DNA diisolasi kemudian diamplifikasi menggunakan sepasang primer L dan R dengan teknik PCR yang menghasilkan fragmen dengan panjang 847 bp. Jasa dari 1<sup>st</sup> Base Singapore digunakan untuk sekuensing produk hasil amplifikasi. Hasil penelitian identifikasi gen FSHR ekson 10 bagian awal pada sapi Pesisir diperoleh yaitu terdapat 5 SNP di posisi --53T>C, +17A>G, +650C>T, +706A>C dan +707 ins>A pada sebagian intron 9 sampai ekson 10 bagian awal. Hasil penelitian menunjukkan bahwa frekuensi genotip dari populasi sapi Pesisir berada dalam ketidakseimbangan Hardy-Weinberg dan ditemukan adanya polimorfisme pada keragaman gen FSHR ekson 10 bagian awal.

#### ABSTRACT

*The purpose of this study was to identify genetic diversity in the early exon 10 of the FSHR gene or follicle stimulating hormone receptor in Pesisir cattle. The blood samples used were 70 blood samples from female Pesisir cattle aged 2-5 years which were obtained from BPTU-HPT Padang Mengatas, West Sumatera. The isolated DNA was then amplified using a pair of primers L and R with PCR technique which produced a fragment with a length of 847 bp. The services of 1<sup>st</sup> Base Singapore are used for sequencing the amplified product. The results of the research on the identification of the early exon 10 FSHR gene in Pesisir cattle were found that there were 5 SNPs at positions --53T>C, +17A>G, +650C>T, +706A>C and +707 ins>A in some introns 9 to exon 10 first part. The results showed that the genotypic frequency of the Pesisir cattle population*

This is an open access article under the CC BY 4.0 license:  
<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

*was in Hardy-Weinberg imbalance and polymorphisms were found in the early exon 10 FSHR gene diversity.*

## 1. Pendahuluan

Seiring dengan peningkatan jumlah populasi masyarakat Indonesia, kebutuhan akan ketersediaan daging sapi di Indonesia terus meningkat. Akan tetapi ketersediaan daging sapi di pasaran tidak menyeimbangi kebutuhannya sehingga impor daging dari luar negeri harus dilakukan. Pengembangan sapi lokal perlu dilakukan sebagai strategi jangka panjang untuk menurunkan ketergantungan terhadap daging impor. Sapi lokal Indonesia yang berpotensi untuk dikembangkan salah satunya yaitu sapi Pesisir. Sapi Pesisir termasuk ke dalam salah satu plasma nutfah Indonesia yang berasal dari Sumatera Barat. Postur tubuh sapi Pesisir lebih kecil jika dibandingkan dengan sapi jenis lainnya, akan tetapi sapi Pesisir memiliki adaptasi yang sangat baik terhadap cuaca ekstrim dan pakan dengan kualitas rendah.

Pengembangan sapi lokal yang dilakukan dapat berupa peningkatan produktivitas sapi potong. Produktivitas sapi potong dipengaruhi oleh genetik, lingkungan dan interaksi genetik dan lingkungan (Sumadi *et al.*, 2011). Peningkatan produktivitas sapi potong salah satunya dapat dilakukan dengan cara melakukan perbaikan mutu genetik ternak dengan meningkatkan jumlah keturunan dari betina unggul. Menurut Afriani *et al.* (2019), hal-hal yang dapat meningkatkan produktivitas sapi potong antara lain yaitu peningkatan mutu genetik ternak, perbaikan manajemen pemeliharaan ternak dan pembatasan pengeluaran ternak.

Peningkatan jumlah keturunan ternak berkaitan dengan reproduksi ternak tersebut. Reproduksi ternak dapat dipengaruhi oleh hormon reproduksi, salah satunya adalah FSH atau *Follicle Stimulating Hormone*. FSH merupakan hormon utama yang memiliki peran pematangan folikel pada ovarium untuk pembentukan sel Ovum (Toelihere, 1979). Menurut Partodihardjo (1987), FSH harus terikat pada reseptornya untuk menimbulkan efek kerjanya. Karena FSH bekerja melalui reseptor spesifik yaitu FSHR. Gen FSHR tersebut dapat membantu peningkatan produksi sel ovum pada betina dan sperma dalam testis pada jantan (Simoni *et al.*, 1997).

Penelitian sebelumnya dilakukan oleh Nasution (2013) menyimpulkan bahwa hasil keragaman bersifat polimorfik pada gen FSHR|*Alu-1* pada sapi Bali, sapi Pesisir, sapi

Aceh dan sapi PO. Selanjutnya penelitian Sari (2012) menyatakan bahwa gen FSHR|AluI pada sapi *Bos indicus* serta *Bos taurus* sifaltnya polimorfik.

Seleksi genetik pada sapi pesisir menjadi penelitian dasar yang dilakukan untuk dapat meningkatkan mutu genetik ternak. Seleksi dapat dilakukan dengan melalui seleksi molekuler pada tingkat DNA. Seleksi molekuler dilakukan untuk menghasilkan sapi Pesisir dengan karakteristik yang lebih baik. Data hasil seleksi molekuler dapat dijadikan acuan lanjutan untuk penelitian kedepan terkait reproduksi maupun kelestarian *plasma nutfah* sapi lokal Indonesia.

Pada penelitian ini DNA target yang diamplifikasi yaitu fragmen gen FSHR yang berada pada ekson 10. Pada kromosom 11 terdapat gen FSHR pada yangmana terdiri dari 10 ekson dan 9 intron yang panjangnya 194885 bp (NCBI GenBank kode akses NC-037338). Ekson 10 memiliki basa paling panjang yaitu 1456 bp dan terdapat banyak sekuen DNA yang dapat mempengaruhi reproduksi.

Berdasarkan sekuens nucleotidanya identifikasi polymorphisme dapat dilakukan dengan teknik SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) yang menggunakan produk PCR (*polymerase chain reaction*). Teknik ini memiliki kemudahan dalam pembacaan data, penerapannya mudah dan sangat stabil. Polymorphisme dapat dijadikan sebagai Marker Assisted Selection (MAS) apabila pada gen FSHR yang terjadi berhubungan dengan sifat produksi dan reproduksi sapi. Identifikasi keragaman gen perlu dilakukan untuk memenuhi kriteria seleksi MAS. Diharapkan ketepatan seleksi dapat lebih baik sejak dari periode anakan melalui seleksi MAS (Sari, 2012).

Hasil penelitian ini dilakukan untuk melihat penentuan alel dan penggenotipan SNP gen FSHR pada ekson 10 bagian awal dan diharapkan dapat dipergunakan menjadi acuan dasar bagi penelitian-penelitian berikutnya dalam upaya perbaikan mutu genetik ternak.

## **2. Materi dan Metode**

### *2.1. Materi*

Penelitian ini menggunakan bahan yaitu sampel darah sebanyak 70 sampel dari sapi Pesisir betina umur 2-5 tahun yang diambil dari BPTU-HPT Padang Mengatas Sumatera Barat.

## 2.2. Metode

### 2.2.1 Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan menggunakan alat yaitu tabung *eppendorf*, *micropipet*, *eppendorf centrifuge*, dan *vortex*. Sedangkan bahan yang digunakan yaitu sampel darah sapi Pesisir, DNA *Purification Kit* dari *promega*, *isopropanol* dan *etanol 70%*.

Sampel darah sapi Pesisir di isolasi menggunakan *protocol Genomic DNA Purification Kit* dari *Promega* yang kemudian dielektroforesis untuk melihat hasil DNA yang telah diisolasi pada gel agarose 1% lalu disimpan pada suhu  $-20^{\circ}\text{C}$  sebelum siap digunakan.

### 2.2.2 Amplifikasi Gen FSHR

Alat yang digunakan untuk amplifikasi gen yaitu PCR (*eppendorf mastercycle gradient*), tabung *eppendorf*, *micropipet*, *microtip*, dan elektroforesis (*thermos scientific*). Sedangkan bahan yang digunakan yaitu sampel DNA, *master mix*, pasangan primer fragmen gen FSHR dan *water nuclease-free*. Sepasang primer digunakan untuk amplifikasi gen FSH yaitu L:5'-TCC CAT TCT CTA CCC TGT GT-3' dan R:5'TTG AGC ACA AGG AGG GAC AT-3' (Yurnalis, 2020).

*Pure tag ready-to-go* PCR digunakan untuk melakukan amplifikasi gen FSHR dari GE Healthcare (USA). PCR dilakukan dengan 35 siklus. Elektroforesis dilakukan dengan menggunakan agarose 1% yang diberi warna dengan *Ethidium Bromide* lalu kemudian *UV transmulator* digunakan untuk evaluasi. Jika pita berisi sampel DNA produk PCR pada gel agarose yang sesuai dengan sekuens, maka amplifikasi gen dikatakan berhasil. Selanjutnya dibandingkan antara posisi pita yang terbentuk dengan posisi pita pada DNA ladder untuk menentukan DNA target. Kemudian dokumentasikan hasil elektroforesis tersebut dengan kamera.

### 2.2.3 Sekuensing

Produk PCR fragmen gen FSHR ekson 10 dari sampel sapi Pesisir disekuensing menggunakan jasa dari 1<sup>st</sup> Base di Singapura.

### 2.2.4 Analisis Data

Keragaman gen FSHR dilihat dengan menghitung frekuensi genotip dan alel menurut rekomendasi Nei dan Kumar (2000).

Rumus frekuensi genotip:

$$x_i = \frac{\sum n_i}{N}$$

Keterangan :

$x_i$  = genotip yang diamati

$n_i$  = jumlah individu bergenotip  $i$

$N$  = total jumlah individu sampel

Rumus frekuensi alel

$$x_{ii} = \frac{(2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij})}{2n}$$

Keterangan :

$x_{ii}$  = frekuensi alel ke- $i$

$n_{ii}$  = jumlah individu untuk genotip  $ii$

$n_{ij}$  = jumlah individu untuk genotip  $ij$

$n$  = jumlah sampel

### 2.2.5 Keseimbangan Hardy-Weinberg

Dilakukan uji keseimbangan Hardy-Weinberg untuk mengetahui apakah frekuensi genotip dan alel gen FSHR pada sapi Pesisir masih berada pada keseimbangan  $p^2+2pq+q^2 = 1$ . Uji dilakukan dengan *chi-square* ( $X^2$ ) menurut rumus rekomendasi Hartl (1997) berikut ini:

$$X^2 = \sum \sum \frac{(O_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}}$$

Keterangan :

$X^2$  = uji Chi-Square

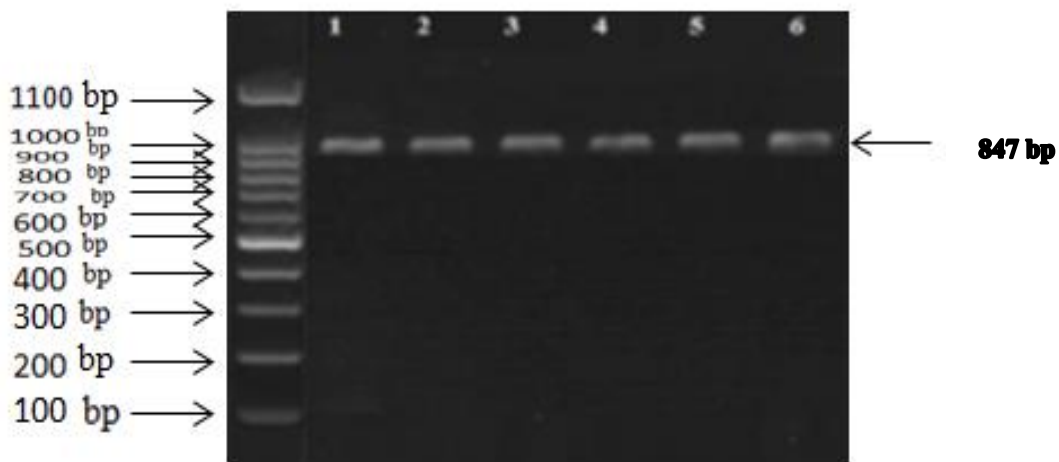
$O_{ij}$  = jumlah pengamatan genotip ke- $i$

$E_{ij}$  = jumlah harapan genotip ke- $i$

### 3. Hasil dan Pembahasan

#### 3.1. Amplifikasi Gen FSHR

Hasil amplifikasi fragmen gen FSHR ekson bagian awal diperoleh produk PCR yang panjangnya 847 bp. Berdasarkan urutan DNA gen FSHR di GenBank dengan kode akses (NC-037338), hal tersebut sesuai dengan rancangan panjang DNA target 847 bp oleh primer3. Proses elektroforesis gel agarose 1,0% memvisualisasikan produk amplifikasi. Hasil amplifikasi gen FSHR pada sapi Pesisir terdapat pada **Gambar 1**.



**Gambar 1.** Amplifikasi gen FSHR ekson 10 bagian awal

**Gambar 1** menunjukkan bahwa hasil gen FSHR teramplifikasi secara spesifik karena terlihat terang dan tipis pada slot agarose. Apabila pada saat elektroforesis terdapat satu pita DNA pada satu slot blok gel (sumur), proses amplifikasi dikatakan berhasil. Sebaliknya jika terdapat lebih dari satu produk amplifikasi fragmen DNA atau tidak sesuai panjang pita dengan prediksi primer yang digunakan, proses amplifikasi dikatakan tidak spesifik. Primer menjadi komponen utama pada proses amplifikasi gen yang menentukan keberhasilan proses amplifikasi.

Primer merupakan inisiator pada sintesis DNA target sehingga primer termasuk bagian yang penting dalam PCR. Rahayu *et al.* (2006) menyatakan bahwa dalam menyusun suatu primer harus memenuhi syarat yaitu terdiri atas 20 basa dan kandungan G/C nya 50%. Primer fungsinya sebagai pembatas pada fragmen DNA target, yang akan diamplifikasi pada proses amplifikasi DNA (Handoyo dan Rudiretra, 2001).

Terdapat beberapa faktor yang membuat proses amplifikasi DNA tidak berhasil antara lain yaitu suhu annealing, banyaknya penggunaan komponen pereaksi, serta

kuantitas dan kualitas dari DNA hasil ekstraksi (Muladno, 2002). Penggunaan suhu yang berbeda dapat terjadi pada tahap *annealing* tergantung dengan primer yang digunakan. Rybicky (1996) menyatakan bahwa optimumnya suhu *annealing* sangat penting bagi proses amplifikasi, karena jika suhu terlalu tinggi primer tidak menempel dan sebaliknya jika suhu terlalu rendah maka primer akan menempel pada sisi lain genom yang mengakibatkan terbentuk DNA dengan spesifisitas yang rendah.

### 3.2. Keragaman Gen FSHR dan Deteksi Mutasi

Hasil sekuensing produk PCR fragmen gen FSHR ekson 10 dari sapi Pesisir menggunakan jasa dari 1<sup>st</sup> Base di Singapura terdapat pada **Tabel 1**. Berdasarkan **Tabel 1** bahwa, pada sampel sapi Pesisir terdapat 5 SNP di daerah ekson 10 bagian awal dan intron 9. Menurut Asaf *et al.* (2014), SNP di daerah yang berbeda memiliki pengaruh yang berbeda, pada daerah pengkodean secara langsung mempengaruhi terjemahan protein, pada daerah intron berpengaruh pada proses splicing, sedangkan pada posisi promotor berpengaruh pada ekspresi gen. Hasil penelitian menunjukkan bahwa hanya terdapat satu mutasi pada daerah intron sedangkan hampir seluruh mutasi terjadi pada daerah pengkodean ekson 10 bagian awal.

**Tabel 1.** Hasil deteksi mutasi gen FSHR sapi Pesisir (*Result of mutation detection of FSHR gene in Pesisir cattle*).

No	Mutasi ( <i>Mutation</i> )	Posisi ( <i>Position</i> )	Jenis Mutasi ( <i>Mutation Type</i> )
1	T→C	-53	Transisi
2	A→G	+17	Transisi
3	C→T	+650	Transisi
4	A→C	+706	Tranversi
5	Ins→A	+707	Inseri

Meskipun intron merupakan wilayah sekuens DNA yang tidak bertranskripsi menjadi protein, telah banyak ditemukan hasil penelitian saat ini yang menunjukkan fungsi intron terkhusus pada sel eukariot yang salah satu fungsinya yaitu meningkatkan kelimpahan protein. Berdasarkan hal tersebut maka dapat dikatakan bahwa meskipun sintesis protein tidak melibatkan region intron, namun proses translasi dapat dipengaruhi variasi dari intron dengan beberapa faktor yang belum diketahui.

Pada penelitian ini terdapat 12 haplotipe dari akumulasi perbedaan basa pada 70 individu sapi Pesisir yang dapat menggambarkan perbedaan basa antara keragaman

populasi dengan individu sapi Pesisir. Hasil haplotipe gen FSHR pada daerah ekson 10 dan intron 9 terdapat pada **Tabel 2**.

**Tabel 2.** Hasil haplotipe gen FSHR pada sapi Pesisir (*Results of FSHR gene haplotypes in Pesisir cattle*)

	Nomor urut sekuen daerah control ( <i>Control region sequence number</i> )					
	H					
	-53	+17	+650	+706	+707	
A	T	A	C	A	-	
B	TC	AG	.	.	.	
C	TT	AA	.	.	.	
D	TC	AG	.	CC	-A	
E	TT	AA	.	CC	-A	
F	TC	AG	TT	.	.	
G	CC	GG	TT	.	.	
H	TT	AG	.	.	.	
I	CC	AG	.	CC	-A	
J	TC	AA	.	.	.	
K	CC	AG	.	.	.	
L	TT	AG	TT	.	.	

Pada penelitian ini hasil sekuensing meunjukkan pada daerah intron 9 sampai ekson 10 bagian awal terdapat 12 situs bervariasi yang menunjukkan perbedaan diantara individu ternak. Dalam mengidentifikasi individu ternak sapi Pesisir dapat mengacu pada tipe haplotipe yang berbeda pada masing-masing individu. Menurut Akbar *et al.* (2014), semakin beragam tipe komposit haplotipe pada suatu populasi maka semakin tinggi tingkat keragaman genetiknya, begitupun sebaliknya. Selanjutnya Leary *et al.* (1985) menyatakan bahwa sifat-sifat negatif pada ternak akan muncul dikarenakan rendahnya keragaman genetik.

Hal ini sesuai dengan pernyataan Frankham *et al.* (2002) bahwa semakin beragam sumber daya genetik maka akan makin tinggi daya adaptasi populasi tersebut terhadap perubahan lingkungannya, serta semakin lama untuk bertahan hidup. Hilangnya variasi genetik dalam populasi dapat signifikan menurunkan kemampuan adaptasi terhadap perubahan lingkungan serta resiko kepunahan sehingga menjaga keragaman genetik sangat penting untuk kelangsungan hidup suatu spesies (Izawa *et al.*, 2007).

Perbedaan di dalam urutan DNA antara kelompok dan individu ataupun antara populasi dan sub populasi merupakan keragaman genetik. Untuk mengetahui keragaman genetik yang ada antara subpopulasi dapat dilakukan dengan melihat perbedaan serta



persamaan frekuensi alel di antara subpopulasi (Li *et al.*, 2000). SNP adalah sumber keragaman yang mana berupa adanya pengulangan urutan delesi, insersi, sekuen dan rekombinasi. Elektroferogram mutasi pada gen FSHR hasil sekuensing ditunjukkan pada **Gambar 2** dan **Gambar 3**.



**Gambar 2.** Mutasi T→C pada posisi -53, mutasi A→G pada posisi +17



**Gambar 3.** Transisi C → T pada posisi +650, Transversi A→C pada posisi +705, Insersi A pada posisi +706

Elektroferogram di atas merupakan data yang diperoleh dalam bentuk ABI file dimana setiap nukleotida ditunjukkan dengan warna yang berbeda. Warna hijau untuk nukleotida A (adenine), warna hitam untuk nukleotida G (guanine), warna merah untuk nukleotida T (timin) dan warna biru untuk nukleotida sitosin.

Perubahan materi genetik disebut sebagai mutasi yang merupakan bagian dari fenomena alam dan sumber pokok dari semua keragaman genetik. Tujuan dari mutasi yaitu untuk menghadapi timbulnya perubahan alam yang sewaktu-waktu (Warmadewi, 2017).

### 3.3. Frekuensi Genotip dan Frekuensi Alel

Hasil perhitungan frekuensi genotip dan alel pada gen FSHR ekson 10 bagian awal pada sapi Pesisir terdapat pada **Tabel 3**.

**Tabel 3.** Hasil frekuensi genotip dan alel *SNP* gen *FSHR* pada sapi Pesisir (*Results of genotype and allele frequencies of the FSHR gene SNP in Pesisir cattle*)

No.	Posisi SNP (SNPs Position)	N	Frekuensi Genotip (Genotype Frequency)			Frekuensi Alel (Allele Frequency)	
1	-53	70	TT	TC	CC	T	C
	T"C		0,5(35)	0,3(21)	0,2(14)	0,65	0,35
2	+17	70	AA	AG	GG	A	G
	A"G		0,5(35)	0,3(21)	0,2(14)	0,656625	0,34375
3	+650	70	CC	CT	TT	C	T
	C"T		0,8(56)	0(0)	0,2(14)	0,825	0,175
4	+706	70	AA	AC	CC	A	C
	A"C		0,9(63)	0(0)	0,1(7)	0,875	0,125

Keterangan : SNP = *Single Nucleotide Polymorphism*  
(N) = jumlah sampel

**Tabel 3** di atas menjelaskan bahwa terdapat keragaman gen *FSHR* pada sapi Pesisir di daerah ekson bagian awal. Kemudian setiap alel pada hasil analisis mempunyai nilai frekuensi yaitu kurang dari 0,95 sehingga dapat dikatakan bersifat polimorfik. Hal tersebut sesuai dengan pendapat Nei dan Kumar (2000), yang menyatakan bahwa jika salah satu alel mempunyai frekuensi kurang dari 99% maka gen dikatakan polimorfik atau beragam, sebaliknya maka dikatakan monomorfik atau seragam.

Jika gen *FSHR* dikatakan polimorfik maka bisa digunakan sebagai *Marker Assisted Selection* (MAS) dan dikaitkan dengan karakter produksi dan reproduksinya. Timbulnya frekuensi gen dapat dipengaruhi oleh faktor-faktor seperti seleksi, pencampuran dua populasi berbeda, mutasi gen, silang dalam atau *inbreeding*, silang luar atau *outbreeding* dan aliran gen (Yuniarsih, 2011).

#### 3.4. Keseimbangan Hardy-Weinberg

Apabila dari generasi ke generasi terjadi frekuensi genotip ( $p^2+2pq+q^2$ ) secara acak dan frekuensi alel ( $p$  dan  $q$ ) secara konstan maka dinyatakan dalam keseimbangan Hardy-Weinberg (Vasconcellos et al., 2003). Seimbang atau tidaknya frekuensi genotip dan frekuensi alel pada suatu populasi dapat diketahui dengan cara analisis *chi-square*. Analisis *chi-square* juga dapat dilakukan untuk mengetahui menyimpang atau tidaknya data yang digunakan dari keseimbangan Hardy-Weinberg. Hasil uji keseimbangan Hardy-Weinberg terdapat pada **Tabel 4**.

**Tabel 4.** Hasil uji *chi-square* terhadap keseimbangan Hardy-Weinberg gen FSHR pada sapi Pesisir (*Results of the chi-square test on the Hardy-Weinberg equilibrium of the FSHR gene in Pesisir cattle*)

No	Posisi Mutasi (Mutation Position)	X <sup>2</sup> hitung (X <sup>2</sup> result)	X <sup>2</sup> Tabel (X <sup>2</sup> Table) 0,05	Keterangan (Description)
1	-53 T"C	8,1234	5,991	Berbeda nyata
2	+17 A"G	8,1234	5,991	Berbeda nyata
3	+650 C"T	70,230	5,991	Berbeda nyata
4	+706 A"C	70	5,991	Berbeda nyata

Keterangan: X<sup>2</sup><sub>h</sub> > X<sup>2</sup><sub>t</sub> (0,05) = berbeda nyata

Frekuensi genotip pada penelitian ini berbeda nyata dengan frekuensi genotip Hardy-Weinberg karena pada hasil analisis ditunjukkan bahwa pada posisi -53, +17, +650 dan +706 dari bangsa sapi Pesisir memiliki X<sup>2</sup> hitung yang lebih besar dibandingkan dengan X<sup>2</sup> tabel (X<sup>2</sup><sub>h</sub> > X<sup>2</sup><sub>t</sub> (0,05)). Berdasarkan hal tersebut dapat dikatakan bahwa frekuensi genotip yang diteliti dari sapi Pesisir tidak berada dalam keseimbangan hukum Hardy-Weinberg. Hal tersebut diduga karena terjadi akumulasi genotip, populasi yang terbagi, seleksi, mutasi, migrasi dan perkawinan yang sama pada populasi sapi Pesisir yang diteliti sehingga di populasi tersebut timbul ketidakseimbangan frekuensi genotip atau alel.

Purwanto (2012) menyatakan bahwa apabila seleksi, migrasi, mutasi, dan genetik drift tidak ditemukan, maka akan selalu seimbangny keadaan frekuensi genotip dari suatu populasi yang cukup besar. Terjadinya penggabungan gamet secara acak menyebabkan frekuensi genotip ( $p^2$ ,  $2pq$ ,  $q^2$ ) serta frekuensi alel ( $p$  dan  $q$ ) tetap konstan dari generasi sebelumnya ke generasi selanjutnya maka dapat dikatakan populasi tersebut berada dalam keseimbangan hukum Hardy-Weinberg (Yurnalis dan Sarbaini, 2014).

#### 4. Kesimpulan

Terdapat 5 SNP pada daerah sebagian intron 9 sampai ekson 10 bagian awal dan bersifat polimorfik. Selanjutnya berdasarkan uji yang telah dilakukan, hasil frekuensi genotip dari populasi sapi Pesisir berada dalam ketidakseimbangan Hardy-Weinberg dimana  $x^2_h > x^2_t(0,05)$ .

## Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih ditujukan kepada rektor Universitas Andalas Padang, Indonesia dan LPPM Universitas Andalas yang telah mendanai penelitian ini dengan nomor hibah T/20/UN.16.17/PP.PANGAN-PDU-KRP2GB-Unand/LPPM/2021.

## Daftar Pustaka

- Afriani, T., M. P. Agusta, Yurnalis, F. Arlina, dan D. E. Putra. 2019. Estimasi dinamika populasi dan pembibitan sapi potong di Kecamatan Bayang Kabupaten Pesisir Selatan. *Jurnal Peternakan Indonesia*, 21(2) : 130-142.
- Akbar, N., N.P. Zaman dan H.H. Maddappa. 2014. Keragaman Genetik Ikan Tuna Sirip Kuning (*Thunnus Albacares*) dari Dua Populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depok* 3(1): 65-73.
- Asaf, V. N. 2014. an Overview On Single Nucleotide Polymorphsm Studies in Mastitis Research. *Veterinary world*. EISSN: 2231-0916.
- Frankham, R., J. D. Ballou, and D.A. Briscoe. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*, Cambridge University Press.
- Handoyo, D. and A. Rudiretna. 2001. Prinsip Umum dan Pelaksanaan Polymerase Chain Reaction (PCR). *Pusat Studi Bioteknologi, Universitas Surabaya*. *Unitas*, Vol. 9, No. 17-29.
- Hartl, D.L and A.G. Clark. 1997. *Principle of Population Genetic*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Izawa, T., T. Kawahara, and H. Takahashi. 2007. Genetic Diversity of an Endangered Plant, *Cypripedium Macranthos* Var. *Rebunense* (Orchidaceae). *Background Genetic Research for Future Conservation*. *Conservation Genetic*. 8:1369-1376.
- Leary, R. F., F. W. Allendorf and K. L. Knudsen. 1985. Development Instability and High Meristic Counts in Interspecific Hybrid of Salmonid Fishes. *Evolution* 39(6): 1318-1326.
- Li, X., K. Li, B. Fan, Y. Gong, S. Zhao, Z. Peng and B. Liu. 2000. The Genetic Diversity of Seven Pigs Breeds in China, Estimated by Means of seven pigs breeds in China, estimated by means of micrusatellites, *Asian- Australasian Journal of Animal Sciences*, 13(9): 1193-1195.
- Muladno. 2010. *Teknologi Rekayasa Genetika*. Edisi ke-2. Bogor, Penerbit IPB Press.
- Nasution, R. B. 2013. Identifikasi Keragaman Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR| Alu-1) pada Sapi Lokal Indonesia dengan Teknik PCR-RFLP. *Skripsi. Departemen Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan. Fakultas Peternakan. Institut Pertanian Bogor*.
- Nei, M and S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Partodihardjo, S. 1987. *Ilmu Reproduksi Hewan*. Fakultas Kedokteran Veteriner. Jurusan Reproduksi. IPB.
- Purwanto, H. 2012. Identifikasai DNA dan Gen Resisten terhadap Virus AI (Avian Influenza) pada Itik Pitalah sebagai Sumber Daya Genetik Sumatera Barat dengan PCR (Polymerase Chain Reaction). *artikel. program pascasarjana. Universitas Andalas*.

- Rahayu, S., S. B. Sumitro, T. Susilawati dan Soermano. 2006. Identifikasi Polimerfisme Gen GH (Growth Hormone) Sapi Bali dengan Metode PCR-RFLP. Berk. Penel. Hayati: 12(7-11).
- Rybicky, E.P. 1996. PCR Primer Design and Reaction Optimisation. In Molecular Biology Techniques Manual. Ed. V.E. Coyne, M.D. James, S.J. Reid & E.P.Rybicki. Dept.of Microbiology. Univ. Cape Town.
- Sari, S. A. 2012. Identifikasi Keragaman Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR|Alu1) Pada Spesies Sapi Bos Javanicus, Bos Taurus, Dan Bos Indicus Dengan Metode PCR-RFLP. Departemen Ilmu Produksi Dan Teknologi Paternakan Fakultas Peternakan. IPB. Bogor.
- Simoni M., E. Nieschlag and J. Gromoll. 1997. The Follicle Stimulating Hormone Receptor: biochemistry, molecular biology, physiology, and pathophysiology. Endo. Rev. 18: 413-421.
- Sumadi, H., Mulyadi, T. Hartatik, dan R. D. Mundingsari. 2011. Estimasi potensi pembibitan sapi potong di Kecamatan Wonosari Kabupaten Gunung Kidul Daerah Istimewa Yogyakarta. Laporan Hibah Penelitian Tematik Laboratorium. Fakultas Peternakan, Universitas Gajah Mada, Yogyakarta.
- Toelihere, M. R. 1979. Fisiologi Reproduksi pada Ternak. Angkasa, Bandung.
- Vasconcellos L. P. D., T. Tambasco, A. P. Pereira, L. L. Coutinho, L. C. D. A. Regitano. 2003. Genetic Characterization of Aberden Angus Cattle using Molecular Markers. Genet. Mol. Biol. 26: 133-137.
- Warmadewi, D.A. 2017. Mutasi Genetik. Buku Ajar. Fakultas Peternakan. Universitas Udayana. Denpasar.
- Yuniarsih, P., Jakaria dan Muladno. 2011. Eksplorasi Gen Growth Hormone Exon 3 Pada Kambing Peranakan Etawah (PE), Saanen dan Pesa melalui Teknik PCR SSCP. Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Yurnalis dan Sarbaini. 2014. Keragaman Sekuen Gen Reseptor Hormone Pertumbuhan Exon 10 sebagai Informasi Dasar Seleksi pada Sapi Pesisir Plasma Nuftah Sumatera Barat. Jurnal Peternakan Indonesia, 16 (1), 63-70.