

Identifikasi Keragaman Gen FSH Bagian Ekson 2 Menggunakan Enzim Restriksi *TasI* pada Sapi Pesisir

*Identification of Exon 2 FSH Gene Diversity Using *TasI* Restriction Enzymes in Coastal Cattle*

Tinda Afriani¹, Endang Purwati², James Hellyward¹, Jaswandi², Yurnalis², Mangku Mundana¹,
Anna Farhana², & Adisti Rastosari¹

¹Jurusan Ilmu dan Teknologi Produksi Ternak, Fakultas Peternakan, Universitas Andalas, Padang, 25163 Sumatera Barat, Indonesia

²Jurusan Bioteknologi Reproduksi, Fakultas Peternakan, Universitas Andalas, Padang, 25163 Sumatera Barat, Indonesia

*Email korespondensi: tindaafriani@ansci.unand.ac.id

• Diterima: 01 Juni 2022 • Direvisi: 26 Agustus 2022 • Disetujui: 13 September 2022

ABSTRAK. Studi ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman gen FSH bagian ekson 2 menggunakan enzim restriksi *TasI* pada sapi Pesisir. Sampel darah yang digunakan yaitu 78 sampel darah dengan dua macam yaitu 13 jantan serta 65 betina yang berumur 1-5 tahun dari sapi pesisir yang didapat dari BPTUHPT Padang Mengatas. *Protocol genomic DNA Purification system Kit* dari *Promega* digunakan untuk mengisolasi DNA sampel darah. Amplifikasi gen FSH dilakukan dengan menggunakan teknik PCR atau *Polymerase Chain Reaction*. Enzim *TasI* digunakan untuk meretriksi produk amplifikasi. Hasil penelitian gen FSH bagian ekson 2 pada sapi pesisir yaitu diperoleh terdapat dua macam genotip. Dua macam genotip tersebut yaitu heterozigot (+/-) serta homozigot tidak terpotong (-/-), untuk jantan berturut turut yaitu 0,38 dan 0,62 beserta frekuensi alel (+) dan alel (-) yaitu 0,19 dan 0,81, sedangkan untuk betina yaitu berturut-turut 0,43 dan 0,57 beserta frekuensi alel (+) dan alel (-) yaitu 0,21 dan 0,79. Sebaran genotip gen FSH|*TasI* ekson 2 pada populasi Sapi Pesisir sifatnya polimorfik (beragam) dengan frekuensi alel yaitu kurang dari 0,99.

Kata kunci: *Gen FSH, Sapi Pesisir, Enzim TasI*

ABSTRACT. This study aims to identify the diversity of the exon 2 FSH gene using the restriction enzyme *TasI* in Coastal cattle. The blood samples used were 78 blood samples of two types, namely 13 males and 65 females aged 1-5 years, from coastal cattle obtained from BPTUHPT Padang Atas. The protocol genomic DNA Purification System Kit from *Promega* was used to isolate DNA from blood samples. The amplification of the FSH gene was carried out using the PCR or *Polymerase Chain Reaction* technique. The *TasI* enzyme was used to restrict the amplification product. The study results on the exon two portion of the FSH gene in coastal cattle showed two types of genotypes. The two types of genotypes are heterozygous (+/-) and untruncated homozygous (-/-); for males, 0.38 and 0.62, respectively, and the frequencies of allele (+) and allele (-) are 0.19 and 0.81, while for females, it was 0.43 and 0.57, respectively, and the frequencies (+) and allele (-) were 0.21 and 0.79. The FSH|*TasI* exon two gene genotype distribution in the Coastal Cattle population is polymorphic (various) with an allele frequency of less than 0.99.

Keywords: *FSH Gene, Pesisir Cattle, TasI Enzyme*

PENDAHULUAN

Sapi lokal asli Indonesia salah satunya adalah sapi Pesisir. Sapi Pesisir mempunyai ukuran tubuh lebih kecil dibanding sapi lokal lainnya tetapi potensi genetiknya cukup baik. Sapi Pesisir memiliki daya adaptasi tinggi

terhadap pakan yang berkualitas rendah juga terhadap perubahan suhu lingkungan, sehingga sapi Pesisir termasuk jenis sapi yang mempunyai potensi genetik yang baik (Yurnalis, 2013). Peternak sapi Pesisir cenderung mempertahankan sapi dengan bobot badan yang lebih kecil daripada yang lebih

besar karena sapi dengan bobot badan lebih besar dijual untuk mendapat harga yang lebih tinggi sehingga lebih menguntungkan. Hal tersebut termasuk salah satu seleksi pada sapi Pesisir yang tidak baik. Tingginya permintaan terhadap sapi Pesisir mengakibatkan hal tersebut terjadi terutama pada saat mendekati Hari Raya Idul Adha. Perbaikan genetik merupakan salah satu upaya untuk mempercepat peningkatan produktivitas dan populasi ternak sapi Pesisir sebagaimana menurut Afriani *et al.* (2019) yang menyatakan bahwa hal yang dapat berpeluang dalam memacu produktivitas dan populasi ternak sapi yaitu dengan meningkatkan mutu genetik ternak, perbaikan manajemen pemeliharaan ternak dan pembatasan pengeluaran ternak.

Gen *Follicle Stimulating Hormon* (FSH) merupakan pengatur penting kesuburan pada ternak. FSH yang merupakan hormon glikoprotein ini disekresikan oleh kelenjar hipofisa, pada mamalia fungsinya agar aktivitas reproduksi terkontrol (Grigorova *et al.*, 2007). Terdapat 2 heterodimer pada gen FSH, antara lain adalah alfa (FSH- α) dan juga beta (FSH- β). Gen FSH sub unit beta memiliki peran dalam menentukan spesifisitas ikatan dengan reseptor (FSHR) (Fan and Hendrickson, 2005). Gen FSH subunit beta terletak di kromosom ke-15 dengan 3 ekson dan 2 intron (Kim *et al.*, 1988; Xiaopeng *et al.*, 2010). Gen FSH- β memiliki panjang 3959 pasang basa (pb) dimana ekson 1 panjangnya 63 bp, bagian ekson 2 panjangnya 165 bp dan ekson 3 panjangnya 1523 bp (GenBank: NC_037342.1).

Suatu variasi yang terjadi akibat adanya keragaman antara individu di dalam populasi yang menjadi anggota populasi disebut keragaman genetik (Kusuma *et al.*, 2016). Bertambahnya variasi genetik terjadi ketika keturunan menerima kombinasi unik kromosom dan gen yang berasal dari induknya melalui rekomendasi gen yang terjadi melalui reproduksi seksual, dan mengakibatkan alel diatur ulang secara acak sehingga

menimbulkan beragam kombinasi yang berbeda. Identifikasi keragaman gen dapat dilakukan dengan menggunakan metode RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). Metode RFLP telah digunakan dan dikembangkan untuk penelitian pada sapi, ayam, dan babi (Utomo *et al.*, 2020).

Becker *et al.* (2000) mengemukakan bahwa ketika DNA di potong oleh enzim *endonuclease* restriksi menghasilkan analisis pola *restriction fragment*. Contoh salah satu diantaranya yaitu Enzim *TasI* dengan situs pemotongan AA \downarrow TT.

Penelitian sebelumnya telah dilakukan oleh Liu *et al.* (2009) yang menjelaskan bahwa terdapat 3 ekson pada gen FSH sub-unit beta contohnya terdapat pada hewan yaitu babi dan sapi, serta manusia. Kemudian Dai *et al.* (2009) juga menjelaskan polimorfisme atau keragaman gen FSH signifikan dengan kualitas serta fertilitas semen (Simmental, Limousin dan Charolais) di ekson 3 dan 2. Kemudian Yang (2010), telah melakukan studi di China tentang identifikasi serta hubungan antara keragaman gen FSH dengan superovulasi pada sapi. Sedangkan Prihadini *et al.* (2019) melakukan penelitian identifikasi keragaman gen FSH- β pada beberapa jenis sumber daya genetik pada sapi lokal Indonesia.

Hasil studi penelitian ini diharapkan dapat dijadikan acuan untuk pemanfaatan dan pelestarian berbagai sumber daya genetik sapi lokal terutama Sapi Pesisir dan juga sebagai acuan penelitian atau studi lanjut yang terkait dengan performa khususnya reproduksi ternak, yang diharap dapat membantu dalam proses seleksi.

MATERI DAN METODE

Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan menggunakan tabung *ependorf*, *micropipet*, *microtip*, *ependorf sentrifuge*, *tissue steril* dan *vortex*, sedangkan bahan-bahan yang digunakan adalah 78 sampel darah sapi pesisir umur 1-5 tahun 13 jantan

serta 65 betina, *nuclei lysis*, *cell lysis*, protein precipitation, buffer TBE 1x (1 M Tris, 0,9 Asam Borat, 0,01 M EDTA pH 8,0), *isopropanol*, DNA rehydration dan *ethanol* 70%. Isolasi DNA dilakukan menggunakan *genomic DNA purification system kit* yang didapat dari *promega*. Kemudian dilakukan elektroforesis pada gel *agarose* 1,5% dan tegangan 100 volt selama 2 jam untuk melihat hasil DNA yang telah diisolasi.

Amplifikasi Gen FSH

Selanjutnya DNA hasil isolasi diamplifikasi menggunakan sepasang primer FSH02 (Yurnalis, 2019) yaitu L : 5'-TCTCAGTTTTCTACAAGCCTT-3' dan juga R : 5'-GGGAATCAATGAAGCCTGCC-3' yang kemudian dihasilkan fragmen ekson 2 dengan panjang 271 bp. Selanjutnya Amplifikasi Gen FSH menggunakan alat-alat yaitu *mastercycler gradient* (mesin PCR), tabung *eppendorf*, *micropipet* dan *microtip*, sedangkan bahan-bahan yang digunakan adalah sampel DNA 2 µl, *water nuclease-free* 7,5 µl, campuran primer R dan F 3 µl dan *Master Mix* 12,5 µl.

Bahan-bahan dimasukkan ke dalam tabung *eppendorf* ukuran 200 µl secara berurutan. Kemudian tabung *eppendorf* dimasukkan ke dalam mesin PCR untuk melakukan amplifikasi. Program PCR yang digunakan yaitu *pradenaturasi* sebanyak 35 siklus pada suhu 94°C selama 5 menit, *denaturasi* pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 58°C selama 30 detik, *extention* 72°C selama 30 detik, dan *final extention* pada suhu 72°C selama 10 menit.

Selanjutnya dilakukan elektroforesis dengan tegangan 200 volt selama 1 jam menggunakan *agarose* 1,5% yang kemudian diwarnai dengan *ethidium bromide* dengan menyertakan *DNA ladder* (marker) untuk melihat hasil amplifikasi gen. Pengamatan hasil dilakukan menggunakan *UV trans illuminator* kemudian didokumentasikan. Jika pita-pita ukuran yang sesuai dengan target yaitu 271 bp terdapat pada gel *agarose* maka amplifikasi gen dinyatakan berhasil. Hal ini dapat ditentukan

dengan cara yaitu posisi pita DNA ladder dibandingkan dengan posisi pita yang terbentuk. Hasil elektroforesis kemudian didokumentasikan menggunakan kamera.

Genotyping Gen (FSH | *TasI*)

Alat-alat yang digunakan untuk genotyping gen (FSH | *TasI*) adalah tabung *eppendorf*, *micropipet*, *microtip*, *waterbath incubator* dan *sterofoam*, sedangkan bahan-bahan yang digunakan adalah *water nuclease-free*, enzim *TasI* dan sampel DNA hasil PCR.

Genotyping gen FSH dilakukan dengan memasukkan produk PCR sebanyak 10 µl ke dalam tabung *Eppendorf* ukuran 200 µl dan ditambahkan sebanyak 10 µl satu unit enzim *TasI*. Tabung *Eppendorf* kemudian diletakkan ke dalam *waterbath incubator* pada suhu -65°C selama 3-4 jam.

Untuk melihat hasil restriksi *TasI*, pada gel *agarose* 2% dilakukan elektroforesis dengan menggunakan pewarna *ethidium bromide* dan menyertakan *DNA ladder* (marker) yang kemudian diproses di mesin elektroforesis yang tegangannya 100 volt dengan waktu 2 jam.

Analisis Data

Hasil data genotipe dan alel yang diperoleh dianalisis dalam bentuk:

1. Frekuensi Genotip

Rumus untuk menghitung frekuensi genotip sesuai rekomendasi Nei dan Kumar (2000).

$$X_i = \frac{\sum ni}{N}$$

Keterangan :

X_i = Genotip yang diamati

ni = Jumlah individu bergenotip i

N = Jumlah sampel yang diamati

2. Frekuensi Alel

Rumus untuk menghitung frekuensi alel sesuai rekomendasi Nei dan Kumar (2000)

$$X_i = \frac{2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij}}{2N}$$

Keterangan:

- X_i = Frekuensi alel ke-i
- n_{ii} = Jumlah sampel yang bergenotip ii (homozigot)
- n_{ij} = Jumlah sampel yang bergenotip ij (heterozigot)
- N = Jumlah sampel yang diamati

3. Hukum Hardy-Weinberg

Untuk mengetahui frekuensi *genotype* dan frekuensi alel enzim restriksi gen FSH pada populasi sapi yang dipelihara masih berada dalam keseimbangan $2pq + q^2 = 1$ maka dilakukan pengujian keseimbangan Hukum Hardy-Weinberg. Keseimbangan Hukum Hardy-Weinberg ini diuji dengan menggunakan *chi-square* (χ^2) dan menggunakan rumus Hartl (1988) berikut ini:

$$\chi^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E} \approx \chi^2_{0,05}$$

$$\chi^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E} \approx \chi^2_{0,01}$$

Keterangan :

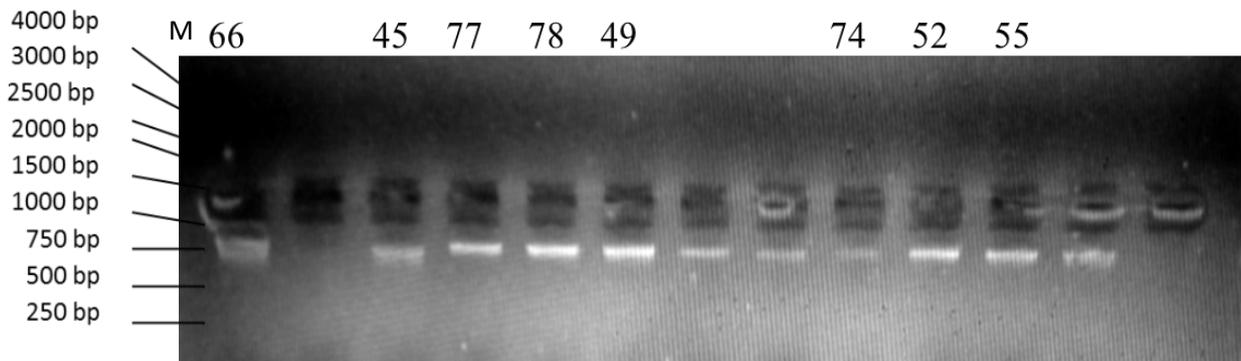
- χ^2 = chi-square
- O = Jumlah pengamatan genotip/alel ke-i
- E = Jumlah harapan genotip/alel ke-i

Jika $\chi^2_h < \chi^2_t$, maka tidak ada perbedaan yang nyata antara hasil pengamatan dengan hasil yang diharapkan, ataupun dapat dikatakan bahwa frekuensi alel atau frekuensi genotip pada populasi ternak yang diamati tersebut berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg. Sedangkan apabila nilai $\chi^2_h > \chi^2_t$, maka ada perbedaan yang nyata dari hasil pengamatan dengan yang diharapkan, ataupun dapat dikatakan bahwa frekuensi alel atau frekuensi genotip yang diamati tersebut tidak berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Isolasi DNA

Hasil elektroforesis isolasi DNA dari sampel darah sapi Pesisir sebanyak 78 sampel darah menggunakan agarose 1,5% yang divisualisasikan dengan *UV-trans iluminator* terlihat pada Gambar 1 di bawah ini:



Gambar 1. Hasil elektroforesis isolasi DNA sampel darah dari sapi Pesisir
Keterangan : M= DNA ladder 25-65= No.Sampel Isolasi DNA)

Berdasarkan Gambar 1 diatas, hasil elektroforesis dari DNA darah Sapi Pesisir yang telah diisolasi menunjukkan munculnya pita yang kurang terang dan tidak tebal. Apabila pita DNA tampak jelas artinya jumlah DNA yang terdeteksi banyak (Faatih, 2009). Irmawati (2003) menyatakan bahwa total DNA yang

diekstrak dalam kondisi utuh dan konsentrasi yang tinggi ditunjukkan oleh pita DNA yang tebal dan tidak menyebar (mengumpul), sedangkan saat ekstraksi berlangsung terdapat ikatan antar molekul DNA yang terputus ditunjukkan oleh pita DNA yang terlihat menyebar yang menyebabkan terpotongnya

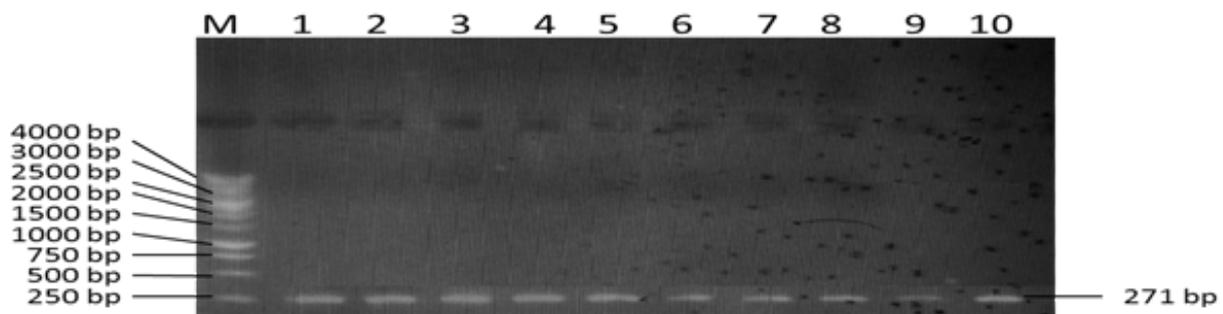
genom DNA menjadi bagian-bagian yang lebih kecil. Adapun hal yang menyebabkan antar ikatan molekul tersebut terputus yaitu terdapat gerakan fisik yang berlebihan, hal ini dapat terjadi pada saat proses pemipetan, disentrifuse, didalam *Eppendorf* ataupun dapat dikarenakan temperatur atau suhu yang terlalu tinggi juga dikarenakan aktivitas bahan kimia tertentu.

Beberapa dari sampel yang diisolasi memperlihatkan terdapat *smear* yang berada pada pita DNA bagian bawah. Menurut Anam (2010), munculnya *Smear* pada gel agarose tersebut menandakan terdapat materi selain DNA yang ikut terisolasi, sehingga muncul *smear* di pita DNA bagian bawah. Mulyani *et al.*

(2011) menyatakan bahwa *smear* dapat berupa DNA yang terdegradasi pada proses isolasi ataupun dapat berupa sisa dari larutan lain yang kemungkinan masih ikut terbawa selama proses isolasi.

Amplifikasi Gen FSH

Gen FSHB terletak di kromosom ke-15 dengan 3 ekson dan 2 intron (Kim *et al.*, 1988; Xiao-peng *et al.*, 2010). Pada penelitian ini diperoleh produk hasil amplifikasi dengan panjang 271 bp. Hasil elektroforesis amplifikasi gen FSH pada sapi Pesisir dengan menggunakan agarose 1,5% yang divisualisasi dengan *UV trans iluminator* terdapat pada Gambar 2 berikut:



Gambar 2. Hasil elektroforesis Amplifikasi Gen FSH Pada Sapi Pesisir

Keterangan: M= DNA ladder, 1-10= No.Sampel produk PCR

Gambar 2 menunjukkan bahwa gambar pita/band yang didapatkan terlihat jelas dan terang. Tebal atau terangnya pita amplikon dapat mengetahui tingkat keberhasilan amplifikasi menggunakan metode PCR. Menurut Yuwono (2006), terdapat beberapa faktor yang dapat memengaruhi keberhasilan dari amplifikasi yaitu konsentrasi dan kemurnian DNA genom hasil suhu pada tiap PCR, sehingga terjadi penempelan EtBr pada DNA yang teramplifikasi serta terpencah saat terkena sinar ultraviolet. Suhu dan waktu annealing juga berpengaruh terhadap hasil amplifikasi (Arslan *et al.*, 2015). Gen FSH pada penelitian ini berhasil teramplifikasi pada semua sampel darah sapi Pesisir dengan panjang basa yaitu 271 bp. Berbeda dengan

penelitian yang telah dilakukan Ishak *et al.* (2011), diperoleh hasil amplifikasinya yaitu dengan panjang 313 bp pada sapi Bali.

Genotyping Gen (FSH | *TasI*)

Keragaman gen FSH diketahui dengan melihat macam dan jumlah dari genotip serta jumlah dan macam alel dari genotip yang dihasilkan pada individu melalui pendekatan PCR-RFLP. Nei dan Kumar (2000) menyatakan apabila salah satu alel kurang dari 99% maka gen dikatakan polimorfik.

Hasil pemotongan produk gen FSH *exon 2* Sapi Pesisir menggunakan enzim *TasI* yang di elektroforesis dalam agarose 2% dan divisualisasikan dengan *UV trans iluminator* disajikan pada Gambar 3 berikut:

Frekuensi Genotip dan Frekuensi Alel (FSH-*TasI*)

Jika salah satu alel mempunyai frekuensi kurang dari 0,99 atau 99%, maka suatu gen dinyatakan polimorfik. Frekuensi alel dan frekuensi genotip gen FSH|*TasI* pada Sapi Pesisir dapat dilihat berdasarkan hasil situs pemotongan enzim *TasI* dari elektroforesis

menggunakan agarose 2% dengan *ethidium bromide* yang divisualisasikan menggunakan *UV trans iluminator*.

Berikut ini adalah hasil perhitungan frekuensi genotip dan frekuensi alel gen FSH|*TasI* pada sapi Pesisir terdapat pada Tabel 1.

Tabel 1. Hasil Frekuensi Alel dan Genotip Gen FSH|*TasI* Pada Sapi Pesisir

Jenis Kelamin	Macam Genotip	Jumlah Individu	Frekuensi Genotip	Jumlah Alel		Frekuensi Alel	
				+	-	+	-
Jantan	(+/+)	0	0,00	0	0		
	(+/-)	5	0,38	5	5	0,19	0,81
	(-/-)	8	0,62	0	16		
	Total	13	1,00	5	21		
Betina	(+/+)	0	0,00	0	0		
	(+/-)	27	0,43	27	27	0,21	0,79
	(-/-)	36	0,57	0	72		
	Total	63	1,00	27	99		

Keterangan: (+/+)= individu genotip homozigot terpotong, (+/-)= individu genotip heterozigot, (-/-)= individu genotip homozigot tidak terpotong.

Berdasarkan Tabel 1 diatas, dapat dijelaskan bahwa macam genotip dari Sapi Pesisir diperoleh dua macam genotip. Pada sapi jantan yaitu homozigot tidak terpotong (-/-) yaitu sebesar 0,62 serta heterozigot yaitu (+/-) sebesar 0,38 beserta frekuensi alel (+) yaitu sebesar 0,19 dan alel (-) yaitu sebesar 0,81. Selanjutnya pada sapi betina yaitu homozigot tidak terpotong (-/-) yaitu sebesar 0,57 serta heterozigot (+/-) yaitu sebesar 0,43 beserta frekuensi alel (+) yaitu sebesar 0,21 dan alel (-) yaitu sebesar 0,79.

Berdasarkan hasil analisa tersebut terlihat bahwa frekuensi alel gen FSH|*TasI* Sapi Pesisir pada penelitian ini ditunjukkan bahwa fragmen gen dapat dikatakan sifatnya polimorfik (beragam). Hal tersebut sesuai dengan pendapat Falconer dan Mackay (1996) yang mengemukakan bahwa jika suatu alel memiliki frekuensi alel sama atau kurang dari 0,99 maka

dinyatakan polimorfik. Selanjutnya Javanmard *et al.* (2005) mengemukakan bahwa variasi gen dalam populasi dapat diindikasikan rendah jika nilai heterozigositas nya di bawah 0,5 (50%).

Terdapat beberapa faktor yang mempengaruhi perbedaan frekuensi alel dan gen yang terjadi yaitu mutasi gen, seleksi, pencampuran antara dua populasi dengan frekuensi gen yang berbeda-beda, silang luar, silang dalam serta genetic drift (Yuniarsih *et al.*, 2011).

Uji Keseimbangan Hardy-Weinberg

Adapun untuk mengetahui apakah hasil yang diperoleh pada penelitian ini menyimpang atau tidak dari Hukum Keseimbangan Hardy-Weinberg, maka dapat dianalisis menggunakan tabel *chi-square*. Uji *chi-square* terhadap Keseimbangan Hardy-

Weinberg dapat dilakukan apabila memenuhi syarat jika sebaran genotip $p^2+2pq+q^2=1$.

Berikut merupakan hasil pengamatan keseimbangan Hardy-Weinberg pada populasi Sapi Pesisir yang tersaji pada Tabel 2.

Tabel 2. Hasil Uji Chi-square Terhadap Keseimbangan Hardy-Weinberg FSH | *TasI* pada Sapi Pesisir

Jenis Kelamin	Keseimbangan HW	Frekuensi dan Macam Genotip			Total	χ^2h	χ^2t (0,05)	χ^2t (0,01)
		(+/+)	(+/-)	(-/-)				
		Observasi (O)	0	5				
Jantan	Harapan (E)	0,47	4	8,53	13	0,75	3,84	6,63
	$(O-E)^2/E$	0,47	0,25	0,03	0,75			
	Observasi (O)	0	28	35	63			
Betina	Harapan (E)	2,78	20,9	39,32	63	4,84	3,84	6,63
	$(O-E)^2/E$	2,78	1,78	0,28	5,84			

Keterangan: $\chi^2t(0,05)= 3,84$, $\chi^2h < \chi^2t(0,05)$ = tidak berbeda nyata, $\chi^2h > \chi^2t(0,05)$ =berbeda nyata, $\chi^2t(0,01)= 6,63$ $\chi^2h < \chi^2t(0,01)$ = tidak berbeda nyata.

Berasarkan Tabel 2 diatas, uji chi-square yang lebih disarankan yaitu menggunakan nilai signifikasi 0,1. Hasil yang diperoleh dari uji chi-square terhadap keseimbangan Hardy-Weinberg FSH | *TasI* pada populasi sapi Pesisir jantan dan betina tersebut diperoleh $\chi^2h < \chi^2t(0,01)$ atau tidak ada perbedaan yang nyata pada frekuensi genotip dan frekuensi alel hasil pengamatan, sehingga berdasarkan hal tersebut dapat disimpulkan bahwa frekuensi genotip dan frekuensi alel gen FSH bagian ekson 2 populasi sapi Pesisir betina pada penelitian ini berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

Hukum Hardy-Weinberg menyebutkan jika terjadi perkawinan acak suatu populasi dari generasi ke generasi berikutnya tanpa adanya faktor yang dapat mengubah frekuensi gen pada populasi tersebut, maka tidak akan terjadi perubahan pada frekuensi gen. Adapun faktor-faktor yang dapat mengubah dan mempengaruhi frekuensi gen dalam suatu populasi antara lain yaitu adanya mutasi, seleksi, random drift, dan migrasi (Warwick *et al.*, 1994).

KESIMPULAN

Dua tipe genotip ditemukan pada sapi Pesisir pada pemotongan gen FSH | *TasI exon 2* untuk sapi jantan yaitu homozigot tidak terpotong (-/-) sebesar 0,62 dan heterozigot (+/-) yaitu sebesar 0,38 beserta frekuensi alel (+) yaitu sebesar 0,19 dan alel (-) yaitu sebesar 0,81, sedangkan untuk sapi betina yaitu homozigot tidak terpotong (-/-) yaitu sebesar 0,57 dan heterozigot (+/-) yaitu sebesar 0,43 beserta frekuensi alel (+) yaitu sebesar 0,21 dan alel (-) yaitu sebesar 0,79. Sebaran genotip gen FSH | *TasI exon 2* pada populasi Sapi Pesisir sifatnya polimorfik (beragam) dengan frekuensi alel nya kurang dari 0,99. Pada populasi sapi Pesisir, frekuensi genotip gen FSH | *TasI exon 2* berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

KONFLIK KEPENTINGAN

Para penulis menyatakan tidak memiliki konflik kepentingan.

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, & D. E. Putra. 2019. Estimasi dinamika populasi dan pembibitan sapi ppotong di Kecamatan Bayang Kabupaten Pesisir Selatan. *Jurnal Peternakan Indonesia*, 21(2) : 130-142.
- Anam, K. 2010. Isolasi DNA Genom. *Bioteknologi Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor*.
- Arslan, K., B. Akyuz, & O. K. Agaoglu. 2015. Investigation of STAT5A, FSHR and LHR gene polymorphisms in turkish indigenous cattle breeds (east anatollan red, south anatolian red, turkish grey, anatolian black and zavot). *Genetika*, 51(11): 1088-1095.
- Becker, W. M., L. Kleinsmith & J. Hardin. 2000. *World of the Cell*. Ed 4th. The Benjamin Publishing Company.
- Dai, L., Z. Zhao, R. Zhao, S. Xiao, H. Jiang, X. Yue, & J. Zhang. 2009. Effects of novel single nucleotide polymorphism of the FSH beta sub unit gene on semen quality and fertility in bulls. *Anim Reprod Sci*, 114: 14-22.
- Faatih, M. 2009. Isolasi dan digesti DNA Kromosom. *Jurnal Penelitian Sains dan Teknologi*, 10(1): 61-67.
- Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Edition, Addison Wesley Longman, Harlow.
- Fan, Q. R. & W. A. Hendrickson. 2005. Structure of human follicle stimulating hormone incomplex with its receptor. *Nature*, 433: 269-277.
- Grigorova, M., K. Rull. & M. Laan. 2007. Haplotype structure of fshb, the beta sub unit gene forfertility-associated follicle stimulating hormone: possible influence of balancing selection. *Ann Hum Gen*, 71: 18-28.
- Hartl, L. D. 1988. *A primer of population genetics*. Sinauer Associates in Inggris - 2nd ed.
- Irmawati. 2003. Perubahan keragaman genetik ikan kerapu tikus generasi pertama pad stok hatchery. *Thesis*. IPB: Bogor. PP. 35.
- Ishak, A. B. L., C. Sumantri, R. R. Noor, & I. Arifiantini. 2011. Identification of polymorphism of FSH beta-subunit gene as sperm quality marker in Bali cattle using PCR-RFLP. *J Indonesian Trop Anim Agric*, 36(4): 221-227.
- Javanmard, A., N. Asadzadeh, M. H. Banabazi, & J. Tavakolian. 2005. The allele and genotype frequencies of bovine pituitary-specific trancription factor and leptin genes in iranian cattle and buffalo population using PCR-RFLP. *Iran J Biotechnol*, 3(2): 104-108.
- Kim, K.E., D.F. Gordon, R.A. Maurer. 1998. Nucleotide sequence of the bovine gene for follicle-stimulating hormone beta-subunit. *DNA* 7(4): 227-233.
- Kusuma, R., N. Sa'diyah, & Y. Nurmiaty. 2016. Keragaman fenotipe dan heritabilitas kedelai (*Glycine max* [L.] Merrill) generasi F5 hasil persilangan Wilis x B3570. *Jurnal Penelitian Pertanian Terapan*.15 (3): 200-207.
- Liu, J.J., X.Q. Ran, S. Li, Y. Feng, & J. F. Wang. 2009. Polimorphism in the first intron of follicle stimulating hormone beta gene in three Chinese pig breeds and two European pig breeds. *J. Anim Rep Sci*. 111: 369-375.
- Mulyani, Y., A. Purwanto. & I. Nurruhwati. 2011. Perbandingan beberapa metode isolasi DNA untuk deteksi Dini Koi Herpes Virus (KHV) pada ikan mas (*Cyprinus carpio L.*). *Jatinangor: Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Padjajaran. Jurnal Akuatika Vol.II No. 1/Maret Tahun 2011*.
- Nei, M. & S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Prihadini, P. W., A. Primasari, M. Lutfi, D. Pamungkas, & T. B. Wibowo. 2019. Identifikasi keragaman gen follicle stimulating hormone sub-unit beta (FSH- β) pada tiga sumber daya genetik sapi lokal Indonesia. *Prosiding Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner*, 183-191.

- Utomo, B., E. D. Putranto, & A. Fadholly. 2020. Profile of follicle-stimulating hormone and polymorphism of follicle-stimulating hormone receptor in Madrasin cattle with ovarian hypofunction. *Veterinary World*, 13: 879- 883.
- Warwick, E. J., J. M. Astuti & W. Hardjosubroto. 1994. Pemuliaan Ternak. *Edisi V*. Gadjah Mada University Press, Yogyakarta. Hal 45-97.
- Xiaopeng, A. N., H. & H. Jin-Xin, L. Guang, W. Ya-Na, L. Ling, C.Y. Bin Yun. 2010. Polymorphism of exon 2 of β gene and its relationship with reproduction performance in two goat breeds. *Agric. Sci.China*. 6:889-886.
- Yang, W. C. 2010. Polymorphisms in the 5 upstream region of the FSH receptor gene, and their association with superovulation traits in Chinese Holstein cows. *Anim Rep Sci*, 119: 172-177.
- Yuniarsih, P., Jakaria & Muladno. 2011. Eksplorasi gen growth hormone exon 3 pada kambing peranakan etawah (PE), Saanen dan Pesa melalui teknik PCR-SSCP. Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner, Bogor.
- Yurnalis. 2013. Polimorfisme gen hormon pertumbuhan pada sapi pesisir sumatera barat. Disertasi. Program Pasca Sarjana Universitas Andalas, Padang.
- Yuwono, T. 2006. Teori dan Aplikasi Polymerase Chain Reaction. Andi Offset. Yogyakarta. 237 p.