

Polimorfisme gen reseptor hormon pertumbuhan (GHR) pada sapi Pasundan

Polymorphism of growth hormone receptor (GHR) gene in Pasundan cattle

WIDYA PINTAKA BAYU PUTRA^{1*}, PASKAH PARTOGI AGUNG¹, SAIFUL ANWAR¹, SYAHRUDDIN SAID¹, ALFANDY HERMANSYAH²

¹Pusat Penelitian Bioteknologi, Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia, Cibinong Science Centre, Jl. Raya Bogor Km. 46 Cibinong, Bogor 16911, Jawa Barat. Tel.: +62-21-8754587, Fax.: +62-21-8754588. *email: widya.putra.lipi@gmail.com/banchet_putra18@yahoo.co.id

²Program Studi Bioteknologi dan Neurosains, Universitas Surya, Jl. Boulevard Gading Serpong Kav. M5 No. 21, Summarecon Serpong, Tangerang Selatan 15810, Banten

Manuskrip diterima: 22 Januari 2017. Revisi disetujui: 12 September 2017.

Abstrak. Putra WPB, Agung PP, Anwar S, Said S, Hermansyah A. 2017. Polimorfisme gen reseptor hormon pertumbuhan (GHR) pada sapi Pasundan. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 3*: 299-303. Identifikasi polimorfisme pada gen yang mengontrol sifat pertumbuhan dapat digunakan untuk seleksi ternak secara molekuler. Salah satu gen yang mengontrol sifat pertumbuhan adalah gen reseptor hormon pertumbuhan (GHR) yang telah banyak digunakan sebagai marka genetik dalam meningkatkan produksi susu dan berat badan pada beberapa bangsa sapi. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman gen GHR pada sapi Pasundan. Penelitian ini menggunakan 119 sampel DNA sapi Pasundan yang dipelihara di BPPT-SP Ciamis, Jawa Barat. Metode analisis DNA yang digunakan adalah PCR-RFLP dengan enzim restriksi *AluI* (AG*CT). Hasil penelitian menunjukkan bahwa gen GHR (298 pb) pada sapi Pasundan bersifat polimorfik dengan tiga tipe genotipe yaitu: AA (0,412); AG (0,429) dan GG (0,160). Frekuensi alel A dan G masing-masing sebesar 0,626 dan 0,374. Estimasi jumlah alel efektif (N_e) sebesar 1,873 dan tidak terindikasi adanya efek terfiksasi ($F_{is} < 1,00$). Hasil uji *Chi-square* (χ^2) menunjukkan bahwa frekuensi genotipe pada sampel populasi yang diuji masih dalam keseimbangan Hardy-Weinberg (HWE). Nilai heterozigositas observasi (H_o) pada penelitian lebih besar daripada nilai heterozigositas harapan (H_e). Tingkat keragaman genetik (PIC) yang diperoleh sebesar 0,358 (sedang). Kesimpulan dari penelitian ini adalah gen GHR pada sapi Pasundan bersifat polimorfik sehingga memungkinkan untuk digunakan sebagai seleksi molekuler melalui kajian yang lebih dalam lagi. Penambahan jumlah sampel dari beberapa wilayah populasi sapi Pasundan akan memberikan informasi yang lebih akurat mengenai keragaman genetik GHR pada sapi Pasundan di Jawa Barat.

Kata kunci: gen GHR, PCR-RFLP, polimorfisme, sapi Pasundan

Singkatan: BPPT-SP: Balai Pengembangan Perbibitan Ternak Sapi Potong; DNA: deoxyribonucleic acid, F_{is} : fixsasi index; H_e : heterozigositas harapan, H_o : heterozigositas observasi; HWE: Hardy-Weinberg equilibrium, pb: pasang basa; N_e : jumlah alel efektif, PCR: polymerase chain reaction, PIC: polymorphism information content, RFLP: restriction fragment length polymorphism, χ^2 : nilai *Chi-square*

Abstract. Putra WPB, Agung PP, Anwar S, Said S, Hermansyah A. 2017. Polymorphism of growth hormone receptor (GHR) gene in Pasundan cattle. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 3*: 299-303. Identification of genetic polymorphism which controlling to the growth traits could be used as molecular selection for livestock. The objective of this study was to identify the genetic polymorphism of GHR in Pasundan cattle. Total of 119 DNA samples of Pasundan cattle that kept at BSD-BC of Ciamis, West Java was used in this study. The method used in the present study was PCR-RFLP with *AluI* (AG*CT) restriction enzyme. The result of this study showed that the GHR gene (298 bp) of Pasundan cattle were polymorphic with three genotype type of AA (0.412); AG (0.429) and GG (0.160). The Allelic frequencies of A and G were 0.626 and 0.374 respectively. The estimation of allelic effective numbers (N_e) was 1.873 and no fixation effect indicated ($F_{is} < 1.00$). The *Chi-square* (χ^2) test showed that the genotypic frequencies of GHR gene in the population tested was in the Hardy-Weinberg equilibrium (HWE). The observed of heterozygosity (H_o) values in this study were higher than expected of heterozygosity (H_e) value. The polymorphism information content (PIC) value was 0.358 (moderate). The conclusion of this study conducted that the GHR gene of Pasundan cattle was polymorphic and might be used as molecular selection through intensive study. Additional sample from another Pasundan's population places are needed to provide accurate information about the polymorphism of GHR gene in Pasundan cattle.

Kata kunci: gen GHR, PCR-RFLP, polimorfisme, sapi Pasundan

Abbreviations: BSD-BC: Bureau of Seedstock Development for Beef Cattle, DNA: deoxyribonucleic acid, F_{is} : fixation indices, H_e : expected heterozigositas, H_o : observed heterozigositas, HWE: Hardy-Weinberg equilibrium, bp: base pairs, N_e : number of effective allele, PCR: polymerase chain reaction, PIC: polymorphism information content, RFLP: restriction fragment length polymorphism, χ^2 : Chi-square value

PENDAHULUAN

Tingkat produksi daging dari peternakan sapi potong di Indonesia lebih rendah dari kebutuhannya, sehingga terjadi kesenjangan antara produksi dan kebutuhan daging. Beberapa hal yang menyebabkan kondisi tersebut adalah rendahnya populasi dan potensi genetik sapi potong, serta kondisi manajemen pemeliharaan yang kurang baik. Salah satu upaya untuk meningkatkan potensi genetik pada sapi potong adalah dengan cara seleksi ternak. Seleksi ternak dapat dilakukan dengan cara memilih pejantan dan betina yang unggul untuk dipakai sebagai sumber materi genetik bagi generasi berikutnya. Sapi Pasundan merupakan salah satu rumpun sapi asli Indonesia dari Jawa Barat yang dapat ditingkatkan mutu genetiknya melalui seleksi ternak untuk produksi daging. Sapi Pasundan ditetapkan sebagai salah satu rumpun sapi lokal di Indonesia berdasarkan keputusan Menteri Pertanian RI No. 1051/Kpts/SR.120/10/2014. Sapi ini dikenal pula sebagai sapi Rancah, merujuk pada lokasi awal tempat domestikasinya (Sutarno dan Setyawan 2015).

Seleksi pada sapi potong dilakukan berdasarkan sifat pertumbuhan antara lain: berat sapih, berat setahunan dan pertambahan berat badan harian (PBBH). Sifat pertumbuhan dikendalikan oleh banyak gen, dan ekspresinya merupakan akumulasi dari pengaruh genetik, lingkungan dan akumulasi keduanya (Hardjosubroto 1994). Salah satu gen yang mempengaruhi sifat pertumbuhan pada ternak adalah gen *growth hormone receptor* (GHR) atau disebut juga dengan gen reseptor hormon pertumbuhan. Gen GHR disandikan sebagai gen tunggal dan terletak pada kromosom 20 dan terdiri dari atas 10 ekson dan 9 intron dengan panjang 25.688 pb (Lin et al. 2009). Gen GHR memiliki fungsi memediasi aktivitas biologi hormon pertumbuhan pada sel target yang mempengaruhi pertumbuhan karkas pada sapi potong dan sifat produksi susu pada sapi perah (Crina et al. 2013; Zhou dan Jiang 2006). Salah satu bagian gen GHR yang digunakan untuk seleksi ternak adalah ekson 10. Martinez et al. (2016) melaporkan bahwa mutasi transisi A→G pada basa ke 3338 di daerah ekson 10 (2609-3876) pada gen GHR menyebabkan terjadinya perubahan asam amino serin menjadi glisin. Selanjutnya, berdasarkan titik mutasi tersebut, terbentuk dua tipe alel yaitu alel A dan G.

Identifikasi keragaman gen GHR pada sapi Pasundan sangat penting sebagai salah satu informasi dasar dalam rangka melengkapi kerangka kerja genetika molekuler untuk perbaikan mutu genetik ternak. Beberapa penelitian melaporkan bahwa keragaman gen GHR pada bangsa sapi *Bos taurus* berpengaruh terhadap karakteristik daging (Piedmontese), lemak karkas (Japanese Black) dan lemak intramuskular pada sapi Hanwoo dan sapi Irish *crossbred* (Di Stasio et al. 2005; Tatsuda et al. 2008; Han et al. 2009; Reardon et al. 2010). Selain itu Gen GHR juga berpengaruh terhadap pertambahan berat badan dan berat karkas pada sapi Nellore (*Bos indicus*) dan persilangannya (Curi et al. 2006), tetapi tidak berpengaruh terhadap performans reproduksi pada sapi Friesian Holstein (Hadi et al. 2015).

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman gen GHR ekson 10 pada sapi Pasundan yang dipelihara di Balai Pengembangan Perbibitan Ternak Sapi Potong (BPPT-SP) Ciamis, Jawa Barat.

BAHAN DAN METODE

Prosedur

Koleksi sampel darah dan isolasi DNA

Penelitian ini menggunakan 119 ekor sapi Pasundan yang dipelihara di BPPT-SP Ciamis, Jawa Barat. Masing-masing sapi dikoleksi sampel darahnya sebanyak 5 mL ke dalam tabung vacutainer yang sudah berisi K₃EDTA. Sampel darah kemudian disimpan pada kondisi suhu refrigerator (4-5⁰C) sampai saatnya dilakukan isolasi DNA. Isolasi DNA dilakukan menggunakan Genomic DNA mini kit (Geneaid Biotech Ltd., Taiwan) sesuai prosedur yang tercantum dalam kit tersebut. Produk DNA yang diperoleh selanjutnya disimpan pada suhu -20⁰C sampai saatnya dilakukan PCR

Amplifikasi fragmen gen GHR

Fragmen DNA yang menjadi target untuk diamplifikasi adalah gen GHR sepanjang 298 pb (GenBank: EF207442). Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan sepasang primer yang telah didesain oleh Andreas et al. (2010) yaitu: GHR-Forward: 5'-CGTTACTTCTGCGAGGTAGACGC-3' dan GHR-Reverse: 5'-GTCTGTGCTCACATAGCCAC-3'. Posisi pemotongan primer pada gen GHR (298 pb) ditunjukkan pada Gambar 1. Reaksi PCR dilakukan pada total volume 21 µL yang terdiri dari 1,50 µL DNA; 7,38 µL PCR kit KAPA2G Robust HotStart ReadyMix (Kapa Biosystem Inc., USA); primer forward dan reverse masing-masing sebanyak 2,40 µL dan 7,32 µL ddH₂O. Campuran tersebut kemudian diinkubasi dalam mesin *Mastercycler Gradient* (Eppendorf, Germany) dengan kondisi sebagai berikut: tahap denaturasi awal selama 5 menit pada suhu 94⁰C; tahap kedua yang terdiri dari 30 siklus yang masing-masing siklus terdiri dari denaturasi pada suhu 94⁰C selama 25 detik, penempelan (*annealing*) primer pada suhu 63⁰C selama 25 detik, dan pembuatan pasangan (komplemen) untai DNA (*extension*) pada suhu 72⁰C selama 25 detik; tahap terakhir yaitu *extension* pada suhu 72⁰C selama 5 menit. Produk PCR (3 µL setiap sampel) selanjutnya dielektroforesis pada tegangan 110 volt selama 30 menit menggunakan medium gel agarose 1% (Vivantis Inc., USA) yang telah direndam dalam larutan buffer 1 x TBE (Tris borate EDTA). Medium agarose 1% yang telah dielektroforesis selanjutnya direndam dalam larutan SyBr® (10 µL/100 µL pelarut) selama 60 menit kemudian divisualisasikan dalam G-BOX *Gel Documentation System* (Syngene, UK).

Analisis genotipe

Variasi genotipe pada gen GHR diidentifikasi menggunakan metode PCR-RFLP. Enzim restriksi yang digunakan adalah *AluI* (Biolabs Inc., USA) yang memiliki situs restriksi AG*CT untuk mendeteksi adanya mutasi A→G pada fragmen gen GHR. Posisi situs restriksi *AluI* pada gen GHR (298 pb) ditunjukkan pada Gambar 1. Sebanyak 4,20 µL produk PCR didigesti dalam campuran 0,28 µL enzim restriksi; 1,82 µL ddH₂O dan 0,70 µL 10x NE buffer pada suhu 37⁰C selama 60 menit. Elektroforesis dilakukan pada medium gel agarose 3% yang telah

direndam larutan 1 x TBE pada tegangan 110 volt selama 50 menit, kemudian divisualisasikan dalam G-BOX. Penentuan genotipe pada setiap sampel didasarkan pada pola pemotongan pita DNA (*band*) yang terbentuk dan dibandingkan dengan DNA *ladder* berukuran 100 pb (Kapa Biosystem Inc., USA) yang juga disertakan dalam elektroforesis.

Analisis data

Analisis data meliputi frekuensi genotipe, frekuensi alel, nilai *Chi square* (χ^2), heterozigositas harapan (H_e), heterozigositas observasi (H_o), *polymorphism information content* (PIC), jumlah alel efektif (N_e) dan *fixsasi index* (F_{is}). Estimasi frekuensi genotipe dan alel serta nilai χ^2 dihitung berdasarkan Nei dan Kumar (2000). Nilai PIC dihitung menurut petunjuk Botstein et al. (1980). Perhitungan nilai N_e dihitung menurut Motoo dan James (1964) sedangkan perhitungan nilai F_{is} dihitung menurut Rini et al. (2013).

HASIL DAN PEMBAHASAN

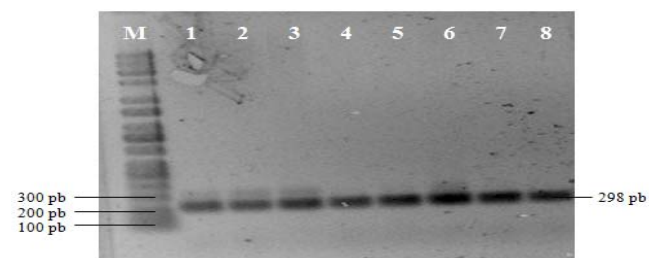
PCR-RFLP

Fragmen spesifik gen GHR sapi Pasundan di daerah ekson 10 sepanjang 298 pb berhasil diperoleh seperti yang ditunjukkan pada Gambar 2. Hasil RFLP gen GHR pada 119 ekor sapi Pasundan menggunakan enzim restriksi *AluI* menghasilkan 3 tipe genotipe yaitu AA, AG dan GG seperti ditunjukkan pada Gambar 3. Genotipe AA terdiri dari 3 fragmen DNA dengan ukuran 167 pb, 81 pb dan 50 pb. Genotipe AG terdiri dari 4 fragmen DNA dengan ukuran 167 pb, 131 pb, 81 pb dan 50 pb. Genotipe GG terdiri dari 2 fragmen DNA dengan ukuran 167 pb dan 131 pb.

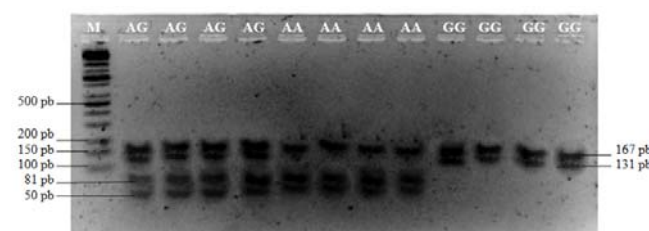
Polimorfisme gen GHR

Frekuensi genotipe AA, AG dan GG yang diperoleh pada penelitian ini masing-masing sebesar 0,412; 0,429 dan 0,160 dari 119 ekor sapi Pasundan yang diteliti. Frekuensi

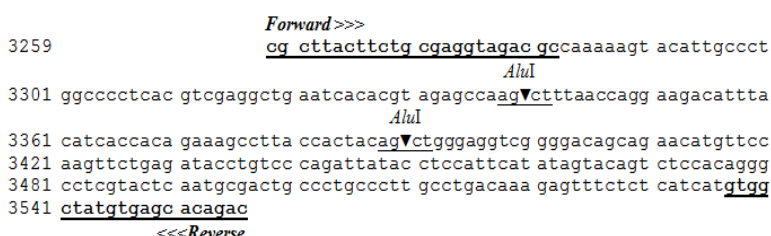
alel A yang diperoleh lebih besar daripada alel G. Hasil uji *Chi square* (χ^2) pada populasi sapi Pasundan di BPPT-SP Ciamis masih dalam keseimbangan Hardy-Weinberg. Nilai heterozigositas observasi (H_o) yang diperoleh lebih besar dari nilai heterozigositas harapan (H_e). Tingkat keragaman genetik gen GHR pada populasi yang diuji termasuk kategori moderat ($0,25 < PIC < 0,50$). Alel A dan G pada gen GHR sapi Pasundan tidak menunjukkan adanya *fixsasi* ($F_{is} < 1,00$). Hasil perhitungan analisis genotipe pada gen GHR sapi Pasundan tersaji pada Tabel 1.



Gambar 2. Visualisasi hasil amplifikasi ruas gen GHR sepanjang 298 pb pada gel agarose 1%. M= marker 100 pb; 1-8 = nomor sampel



Gambar 3. Visualisasi hasil PCR-RFLP ruas gen GHR/*AluI* pada sapi Pasundan menunjukkan tiga macam tipe genotipe yaitu AA (167 pb, 81 pb, 50 pb); AB (167 pb, 131 pb, 81 pb, 50 pb) dan GG (167 pb, 131 pb). M= marker 100 pb



Gambar 1. Posisi pemotongan primer dan situs restriksi *AluI* di daerah ekson 10 pada gen GHR sepanjang 298 pb berdasarkan GenBank: EF207442

Tabel 1. Hasil analisis data genotipe gen GHR/*AluI* pada sapi Pasundan di BPPT-SP Ciamis

Frekuensi gen (N)			Frekuensi alel		χ^2	$H_e \pm SE$	H_o	PIC	N_e	F_{is}
AA	AG	GG	A	G						
0,412 (49)	0,429 (51)	0,160 (19)	0,626	0,374	0,542*	0,466±0,177	0,472	0,358	1,873	0,085

Keterangan: N= jumlah individu; χ^2 = Chi-square; H_e = heterozigositas harapan; H_o = heterozigositas observasi= PIC= *polymorphism information content*; N_e = jumlah alel efektif; F_{is} = indeks *fixsasi* pada masing-masing alel; *dalam keseimbangan genetik Hardy-Weinberg ($\chi^2 < 3,841$)

Pembahasan

Pada penelitian ini, polimorfisme gen GHR pada sapi Pasundan di BPPT-SP Ciamis dideteksi menggunakan metode PCR-RFLP. Kondisi optimal *annealing* yang diperoleh pada penelitian ini sebesar 63°C selama 25 detik. Misrianti et al. (2011) memperoleh kondisi optimal *annealing* sebesar 62°C selama 45 detik pada gen GHR sapi Friesian Holstein dengan menggunakan primer yang sama seperti pada penelitian ini. Hasil yang berbeda juga ditunjukkan oleh Zulkharnaim et al. (2010) pada gen GHR sapi Bali menggunakan primer seperti pada penelitian ini dan memperoleh kondisi optimal *annealing* sebesar 60°C selama 1 menit. Perbedaan ini dapat terjadi karena metode penelitian yang digunakan antara lain bahan pereaksi PCR dan jenis mesin PCR yang digunakan berbeda sehingga kondisi *annealing* yang diperoleh menjadi berbeda-beda.

Berdasarkan Gambar 1 terlihat bahwa terdapat 2 situs restriksi *AluI* (AG*CT), yaitu pada basa ke 3338 dan 3389 yang selanjutnya akan menghasilkan 3 fragmen DNA (167 pb, 81 pb dan 50 pb) dan disebut dengan alel A. Keragaman gen GHR terjadi karena terdapat mutasi pada posisi basa ke 3338 dari basa A menjadi G (mutasi transisi) yang mengubah asam amino serin menjadi glisin (Martinez et al. 2016). Perubahan tersebut menyebabkan situs restriksi menjadi tidak dikenali oleh *AluI* sehingga menyebabkan munculnya 2 fragmen DNA (167 pb dan 131 pb) dan dikenal dengan alel G. Hasil *genotyping* pada gen GHR sapi Pasundan menghasilkan 3 tipe genotipe yaitu AA, AG dan GG. Perbedaan genotipe pada masing-masing individu disebabkan adanya tipe alel yang berbeda (A atau G) dari kromosom homolog yang diturunkan oleh masing-masing tetua (jantan dan betina) pada saat terjadi fertilisasi. Ternak dengan genotipe heterozigot (AG) merupakan

kombinasi 2 alel berbeda dari keduanya tetuanya. Sedangkan ternak dengan genotipe homozigot (AA atau GG) menunjukkan bahwa kedua tetua menyumbangkan alel yang sama (Nei dan Kumar 2000).

Identifikasi keragaman gen GHR ekson 10 (298 pb) dengan menggunakan primer yang didesain oleh Andreas et al. (2010) seperti pada penelitian ini juga pernah dilakukan pada sapi Friesian Holstein (Misrianti et al. 2011) dan beberapa bangsa sapi potong seperti sapi Bali, Pesisir, Simmental dan Limousin (Zulkharnaim et al. 2010). Beberapa penelitian menunjukkan bahwa keragaman gen GHR/*AluI* pada sapi juga terjadi di beberapa bagian gen GHR seperti yang tersaji pada Tabel 2.

Keseimbangan alel dalam suatu populasi (HWE) dilihat berdasarkan besarnya nilai *Chi-square* (χ^2) yang dihitung berdasarkan perbedaan frekuensi genotipe pengamatan dan frekuensi genotipe harapan. Suatu populasi dikatakan dalam keseimbangan genetik apabila nilai χ^2_{hitung} yang diperoleh lebih kecil dari nilai χ^2_{tabel} . Falconer dan Mackay (1996) menyatakan bahwa suatu populasi yang besar akan berada dalam keseimbangan genetik apabila tidak mengalami migrasi, mutasi, seleksi dan *genetic drift*. Vasconcellos et al. (2003) menambahkan bahwa suatu populasi dikatakan dalam keseimbangan genetik apabila frekuensi genotipe (p^2 , $2pq$, q^2) dan frekuensi alel (p dan q) konstan dari generasi ke generasi, karena penggabungan gamet terjadi secara acak dalam populasi yang besar. Sapi Pasundan pada penelitian ini berada dalam keseimbangan genetik. Hal itu disebabkan karena proses seleksi ternak baru mulai dikerjakan sejak tahun 2015, sehingga saat ini belum ada seleksi sapi Pasundan dalam jumlah yang besar.

Tabel 2. Hasil *genotyping* dengan enzim restriksi *AluI* di beberapa bagian gen GHR pada beberapa bangsa sapi

Bangsa sapi	Sub spesies	Daerah	N	Frekuensi alel		Referensi
				A	B	
Friesian Holstein (Indonesia)	<i>Bos taurus</i>	ekson 10	370	0,75	0,25	Misrianti et al. (2011)
Friesian Holstein (Polandia) ♀	<i>Bos taurus</i>	ekson 10	395	0,83	0,17	Olenksi et al. (2010)
Friesian Holstein (Polandia) ♂	<i>Bos taurus</i>	ekson 10	477	0,89	0,11	Olenksi et al. (2010)
Friesian Holstein (Iran)	<i>Bos taurus</i>	PR	93	0,44	0,56	Rahbar et al. (2010)
Limousin	<i>Bos taurus</i>	ekson 10	21	0,29	0,71	Zulkharnaim et al. (2010)
Simmental	<i>Bos taurus</i>	ekson 10	17	0,27	0,73	Zulkharnaim et al. (2010)
Piemontese	<i>Bos taurus</i>	ekson 10	213	0,42	0,58	Di Stasio et al. (2005)
South Anatolian Red	<i>Bos taurus</i>	5'-RR	49	0,54	0,46	Akad et al. (2012)
East Anatolian Red	<i>Bos taurus</i>	5'-RR	50	0,56	0,44	Akad et al. (2012)
Turkish grey	<i>Bos taurus</i>	5'-RR	44	0,36	0,64	Akad et al. (2012)
Pesisir	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	48	0,62	0,38	Zulkharnaim et al. (2010)
Hariana	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	46	0,94	0,06	Deepika dan Raj (2013)
Kankrej	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	43	0,90	0,10	Deepika dan Raj (2013)
Mewati	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	43	0,94	0,06	Deepika dan Raj (2013)
Nagori	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	47	0,92	0,08	Deepika dan Raj (2013)
Tharparkar	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	47	0,97	0,03	Deepika dan Raj (2013)
Ghumusari	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	48	0,92	0,08	Deepika dan Raj (2013)
Kangayam	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	48	0,83	0,17	Deepika dan Raj (2013)
Binjharपुरi	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	47	0,85	0,15	Deepika dan Raj (2013)
Punganur	<i>Bos indicus</i>	ekson 10	36	0,86	0,14	Deepika dan Raj (2013)
Bali	<i>Bos javanicus</i>	ekson 10	162	0,99	0,01	Zulkharnaim et al. (2010)

Keterangan: N = jumlah individu; PR= *promotor region*; RR= *regulatory region*

Nilai heterozigositas observasi (H_o) dan heterozigositas harapan (H_e) dapat digunakan sebagai salah satu cara untuk menduga nilai silang dalam (*inbreeding*) pada suatu kelompok ternak (Hartl dan Clark 1997). Secara umum, nilai H_e merupakan indikator yang baik sebagai penciri genetik yang dapat menjelaskan keragaman populasi ternak dan dapat digunakan untuk membantu program seleksi ternak pada ternak yang akan digunakan sebagai sumber genetik pada generasi berikutnya (Moiloi et al. 2004; Marson et al. 2005). Nilai H_o pada gen GHR sapi Pasundan lebih besar dibandingkan dengan H_e dan mengindikasikan bahwa keragaman genetik gen GHR pada sapi Pasundan cukup tinggi.

Nilai PIC pada gen GHR sapi Pasundan dalam penelitian ini termasuk kategori sedang. Botstein et al. (1980) menyatakan bahwa terdapat tiga kategori nilai PIC yaitu rendah ($PIC < 0,25$), sedang/moderat ($0,25 < PIC < 0,50$) dan tinggi ($PIC > 0,50$). Selanjutnya dijelaskan bahwa nilai PIC tidak hanya dapat digunakan untuk menentukan informatifnya suatu penciri, tetapi juga dapat digunakan untuk menentukan ada tidaknya alel polimorfik, selain didasarkan pada nilai heterozigositas. Estimasi jumlah alel efektif yang diperoleh sebesar 1,82 yang berarti bahwa terdapat perbedaan frekuensi alel dalam gen GHR sapi Pasundan. Alel A pada gen GHR/*AluI* merupakan alel yang dominan. Alel A dan G pada penelitian ini tidak menunjukkan terjadinya fixasi ($F_{is} < 1,00$) dan dapat disebabkan proses seleksi pada sapi Pasundan di BPPT-SP Ciamis baru dimulai sejak tahun 2015, sehingga frekuensi alel A dan G masih cukup tinggi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Kemenristek-Dikti yang telah membiayai penelitian ini melalui program Insentif Riset Sistem Inovasi Nasional (SINAS) No. 309/SP2H/LT/DRPM/VI/2016. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada seluruh staf dan karyawan BPPT-SP Ciamis dan Badan Penelitian dan Pengembangan Daerah Provinsi Jawa Barat (BP2D) atas dukungan dan kerja samanya dalam pengumpulan data dan sampel darah sapi Pasundan.

DAFTAR PUSTAKA

- Akad IA, Ahmet M, Kemal OO. 2012. A determination of growth hormone receptor gene polymorphisms in East Anatolian Red cattle, South Anatolian Red cattle, and Turkish Grey cattle. *Turk J Vet Anim Sci* 36: 27-33
- Andreas E. 2010. Telaah Kualitas Daging serta Identifikasi Keragaman gen GH dan GHR pada Kerbau. [Tesis]. Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW. 1980. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet* 32: 314-331.
- Curi RA, Palmieri DA, Sugisawa L, Ferraz ALJ, Oliveira HN, Furlan LR, Silveira AC, Lopes CR. 2006. Effects of GHR gene polymorphisms on growth and carcass traits in Zebu and crossbred cattle. *Livest Sci* 101: 94-100
- Crina T, Carsai, Adrian V, Balteanu, Augustin V, Oliver C. 2013. Polymorphism within growth hormone receptor (GHR) gene in Romanian Black and White and Romanian Grey steppe cattle breeds. *ABAH Bioflux* 5: 1-5
- Di Stasio L, Destefanis G, Brugiapaglia A, Albera A, Rolando A. 2005. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality. *Anim Genet* 36: 138-140
- Deepika, Raj KS. 2013. Polymorphism studies of growth hormone receptor (GHR) gene in indigenous grey cattle breeds of India. *DHR-IJBLS* 4: 270-277
- Falconer DS, Mackay TFC. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman Inc, New York.
- Hadi Z, Atashi H, Dadpasand M, Derakhshandeh A, Ghahramani SMM. 2015. The relationship between growth hormone polymorphism and growth hormone receptor gene with milk yield and reproductive performance in Holstein dairy cows. *IJVR* 15: 244-248
- Han SH, Cho IC, Kim JH, Ko MS, Jeong HY, Oh HS, Lee SS. 2009. A GHR polymorphism and its associations with carcass traits in Hanwoo cattle. *Genes & Genom* 31: 35-41
- Hardjosubroto W. 1994. *Aplikasi Pemuliaan Ternak di Lapangan*. Gramedia Widiasarana, Jakarta.
- Hartl DL, Clark AG. 1997. *Principle of Population Genetic*. Sinauer Associates, Inc Publisher, Sunderland.
- Keputusan Menteri Pertanian RI No. 1051/Kpts/SR.120/10/2014.
- Lin BZ, Sasazaki S, Lee JH, Mannen H. 2009. Genetic diversity of growth hormone receptor gene in cattle. *J Anim Sci* 80: 528-531
- Marson EP, Ferraz JBS, Meirelles FV, Balieiro JCC, Eler JP, Figuerido LGG, Mourao GB. 2005. Genetic characterization of European-Zebu composite bovine using RFLP markers. *Genet Mol Res* 4: 496-505
- Martinez R, Rocha JF, Bejarano, D, Gomez Y, Abuabara Y, Gallego J. 2016. Identification of SNPs in growth-related genes in Colombian creole cattle. *Genet Mol Res* 15: 1-16
- Misrianti R, Cece S, Anggraeni A. 2011. Keragaman gen hormon pertumbuhan reseptor (GHR) pada sapi perah Friesian Holstein. *JITV* 16: 253-259
- Moiloi B, Napolinto F, Catalilo G. 2004. Genetic diversity between Piedmontese, Meremmana and Podolica cattle breeds. *J Hered* 95: 250-256
- Motoo K, James FC. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. www.author.library.caltech.edu
- Nei M, Kumar S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Olenski K, Tomasz S, Stanislaw K. 2010. Inconsistency of associations between growth hormone receptor gene polymorphism and milk performance traits in Polish Holstein-Friesian. *Anim Sci Papers Report* 28: 229-234
- Rahbar R, Rahimi G, Pirsaraei ZA, Gholizadeh M. 2010. Identification of polymorphisms in promoter region of growth hormone receptor (GHR) gene and its association with milk related traits in Holstein cows. *Afr J Biotechnol* 9: 5460-5464
- Reardon W, Mullen AM, Sweeney T, Hamill RM. 2010. Association of polymorphisms in candidate genes with colour, water-holding capacity, and composition traits in bovine *M. longissimus* and *M. semimembranosus*. *Meat Science* 86: 270-275
- Rini AO, Cece S, Anggraeni A. 2013. GHRH | *HaeIII* polymorphism in dairy and beef cattle at National Livestock Breeding Centers. *Media Peternakan* 36: 185-191
- Sutarno, Setyawan AD. 2015. Genetic diversity of local and exotic cattle and their crossbreeding impact on the quality of Indonesian cattle. *Biodiversitas* 16: 327-354
- Tatsuda K, Oka A, Iwamoto E, Kuroda Y, Takeshita H, Kataoka H, Kouno S. 2008. Relationship of the bovine growth hormone gene to carcass traits in Japanese black cattle. *Anim Breed Genet* 125: 45-49
- Vasconcellos LPMK, Talhari DT, Pereira AP, Coutinho LL, Regitano LCA. 2003. Genetic characterization of Aberdeen Angus cattle using molecular marker. *J Genet Mol Biol* 26: 133-137
- Zhou Y, Jiang H. 2006. A milk trait-associated polymorphism in the bovine growth hormone receptor gene does not affect receptor signaling. *J Dairy Sci* 89: 1761-1764
- Zulkharnaim, Jakaria, Noor RR. 2010. Identifikasi keragaman genetik gen reseptor hormon pertumbuhan (GHR | *AluI*) pada sapi Bali. *Media Peternakan* 33: 81-87