

**Terakreditasi**

Ditjen Penguatan Riset dan Pengembangan, Kemenristekdikti  
Keputusan No: 21/E/KPT/2018, Tanggal 9 Juli 2018

DOI: <http://dx.doi.org/10.33772/jitro.v6i2.5655>  
<http://ojs.uho.ac.id/index.php/peternakan-tropis>

## Identifikasi Keragaman Gen FTO Pada Bangsa Sapi Potong Indonesia

Sutikno<sup>1</sup>, Rudy Priyanto<sup>2</sup>, Cece Sumantri<sup>2</sup>, Jakaria<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Jurusan Peternakan Sekolah Tinggi Pertanian Kutai Timur (STIPER KUTIM)  
Jl. Soekarno-Hatta no 1, Sangatta, Kutai Timur, Kalimantan Timur 75387

<sup>2</sup>Departemen Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan, Fakultas Peternakan, IPB  
Jl. Agatis Kampus IPB Dramaga, Bogor, Jawa Barat 16680

\*Email korespondensi: jakaria\_karman@yahoo.co.id

(Diterima: 21-02-2019; disetujui 20-04-2019)

### ABSTRAK

Gen FTO berfungsi sebagai regulasi homeostasis, deposisi lemak dan pengaturan obesitas. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi polimorfisme SNP g.125550A>T di ekson 3 gen FTO pada bangsa sapi potong Indonesia. Sampel darah diperoleh dari 209 ekor sapi, terdiri atas sapi bali (44), madura (20), Pesisir (20), katingan (20), Peranakan ongole (PO) (22), Pasundan (20), Sumba Ongole (SO) (11), brahman (20), simental (15), dan limousin (18). Polimorfisme gen FTO dianalisis menggunakan metode PCR-RFLP (*HpyCH4III*) dan direct sequencing. Hasil genotyping SNP g.125550A>T adalah polimorfik (genotipe AA, AT, dan TT) pada sapi madura, pesisir, katingan, PO, pasundan, SO, brahman, simental, dan limousin. Frekuensi alel A dan T masing-masing adalah 0,70, 0,68, 0,84, 0,89, 0,70, 0,86, 0,90, 0,73, 0,69 dan 0,30, 0,33, 0,16, 0,11, 0,30, 0,14, 0,10, 0,27, 0,31. Nilai  $H_o$  dan  $H_e$  masing-masing adalah 0,60-0,14 dan 0,44-0,18 serta dalam keseimbangan Hardy-Weinberg ( $P>0.05$ ). Sementara pada sapi bali bersifat monomorfik hanya bergenotipe AA. Hasil sekuensing SNP g.125550A>T ditemukan mutasi tranversi A menjadi T pada posisi nukleotida g.125550. Berdasarkan hasil penelitian ini, dapat disimpulkan bahwa SNP 125550A>T gen FTO beragam dan berpotensi dijadikan marka genetik untuk kualitas daging pada bangsa sapi potong Indonesia.

**Kata Kunci:** gen FTO, PCR-RFLP, Sapi, SNP g.125550A>T

### ABSTRACT

The FTO gene functions as regulation of homeostasis, fat deposition and regulation of obesity. This study aimed to identify the polymorphism of SNP g.125550A>T in exon 3 of FTO gene in Indonesian beef cattle. Blood samples were collected from 209 cattle, including bali (44), madura (20), pesisir (20), katingan (20), PO (22), pasundan (20), SO (11), brahman (20), simental (15), and limousin (18). Polymorphism of the FTO gene was analyzed using PCR-RFLP (*HpyCH4III*) and direct sequencing methods. The results of genotyping SNP g.125550A>T was polymorphic (AA, AT and TT genotypes) in madura, pesisir, katingan, PO, pasundan, SO, brahman, simental, and limousin cattle. The frequency of A and T alleles were 0,70, 0,68, 0,84, 0,89, 0,70, 0,86, 0,90, 0,73, 0,69 and 0,30, 0,33, 0,16, 0,11, 0,30, 0,14, 0,10, 0,27, 0,31 respectively. The values of  $H_o$  and  $H_e$  were 0,60-0,14 and 0,44-0,18 respectively and in Hardy-Weinberg equilibrium ( $P>0,05$ ). While in Bali cattle was monomorphic (AA genotype). Results of sequencing SNP g.125550A>T of the FTO gene found a transverse mutation A to T at the nucleotide position g.125550. As a result of this study, it can be concluded that SNP 125550A>T of the FTO gene was diverse and potentially used as genetic markers for meat quality in Indonesian beef cattle.

**Keywords:** cattle, FTO gene, PCR-RFLP, SNP g.125550A>T

## PENDAHULUAN

Kekayaan sumber daya genetik ternak (SDGT) yang dimiliki Indonesia sangat melimpah, salah satunya sapi potong (pedaging). Indonesia memiliki 8 bangsa sapi potong antara lain: sapi bali, madura, aceh, sumbawa, pesisir, peranakan ongole (PO), jabres, dan sumba ongole (SO). Kekayaan SDGT perlu dilestarikan, dikembangkan dan dimanfaatkan secara berkelanjutan demi meningkatkan pendapatan dan kesejahteraan peternak serta memperkuat ketahanan pangan nasional. Kebijakan pengelolaan SDGT yang berkelanjutan merujuk kepada tiga pendekatan, yaitu: pemurnian dan konservasi ternak, persilangan ternak, dan pengembangan bangsa baru.

Sapi potong Indonesia berpotensi untuk dikembangkan menjadi sapi potong unggul melalui proses seleksi dan persilangan. Dewasa ini telah berkembang seleksi berdasarkan marka genetik atau disebut *marker assisted selection* (MAS) yang hasilnya lebih akurat, efektif dan efisien (Matukumalli *et al.*, 2009). Proses seleksi dapat dilakukan pada kandidat gen-gen yang berasosiasi dengan sifat pertumbuhan dan kualitas daging. Salah satu gen yang potensial

untuk diseleksi yaitu gen *fat mass and obesity associated* (FTO) (Wei *et al.*, 2011; Chung, 2014).

Gen FTO terletak pada kromosom 18 yang terdiri atas 9 ekson dan 8 intron. Gen FTO berfungsi untuk regulasi homeostasis, deposisi lemak dan pengaturan obesitas. Informasi polimorfisme nukleotida tunggal atau *single nucleotide polymorphisms* (SNP) g.125550A>T di ekson 3 gen FTO berpengaruh terhadap skor *marbling* pada sapi *hanwoo*. (Chung, 2014). Gen FTO selama ini belum diteliti pada sapi potong Indonesia. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi SNP g.125550A>T di ekson 3 gen FTO pada bangsa sapi potong Indonesia.

## MATERI DAN METODE

### Sampel Sapi Penelitian

Penelitian dilakukan di laboratorium genetika molekuler ternak, Fakultas Peternakan, Institut Pertanian Bogor. Sampel darah sapi yang digunakan sebanyak 209 ekor. Darah berasal dari koleksi laboratorium genetika molekuler ternak perwakilan sapi potong di Indonesia yang terdiri atas: sapi bali, madura, pesisir, katingan, PO, pasundan, SO, brahman, simental, dan limousin (Tabel 1).

Tabel 1. Jumlah, bangsa, tahun koleksi dan lokasi pengambilan sampel darah sapi potong yang digunakan dalam penelitian

| No    | Bangsa        | Jumlah sampel | Tahun Koleksi | Lokasi              |
|-------|---------------|---------------|---------------|---------------------|
| 1     | Sapi Bali     | 44 ekor       | 2015          | Pulau Bali          |
| 2     | Sapi Madura   | 20 ekor       | 2011          | Pulau Madura        |
| 3     | Sapi Pesisir  | 20 ekor       | 2006          | Sumatera Barat      |
| 4     | Sapi Katingan | 19 ekor       | 2010          | Kalimantan Tengah   |
| 5     | Sapi PO       | 22 ekor       | 2006          | Jawa Barat          |
| 6     | Sapi Pasundan | 20 ekor       | 2014          | Jawa Barat          |
| 7     | Sapi SO       | 11 ekor       | 2006          | Nusa Tenggara Timur |
| 8     | Sapi Brahman  | 20 ekor       | 2006          | Jawa Barat          |
| 9     | Sapi Simental | 15 ekor       | 2006          | Jawa Timur          |
| 10    | Sapi Limousin | 18 ekor       | 2006          | Jawa Timur          |
| Total |               | 209 ekor      |               |                     |

### Ekstraksi dan Amplifikasi DNA

Sampel darah diambil dari *vena jugularis* dan disimpan dalam tabung *vacutainer* yang mengandung etanol absolut sebagai antikoagulan. DNA genom diisolasi menggunakan metode *fenol-cloroform* yang dijelaskan oleh (Sambrook dan Russel 2001). Primer yang digunakan untuk amplifikasi gen FTO adalah: (*forward*: 5'-TCCTCAAGCTCAACAGCTAC-3', *Reverse*: 5'-GGTTCCTCTTTCAGGTATGG-3'). Primer dirancang berdasarkan sekuen Genbank dengan nomor akses HM777022.1 mengguna-

kan software MEGA7 dan dievaluasi secara online menggunakan *PCR Primer Stats* ([www.bioinformatics.org](http://www.bioinformatics.org)).

Amplifikasi fragmen gen menggunakan mesin *Thermal Cycler* merk *Esco*. Pereaksi *Polymerase Chain Reaction* (PCR) terdiri atas: sampel DNA 1 uL, 7,5 uL *promega green master mix*, 6,1 uL DW, 0,2 uL primer *forward*, dan 0,2 uL primer *reverse*. Suhu amplifikasi DNA terdiri atas: *predenaturasi* 95°C selama 5 menit, *denaturasi* 95°C selama 20 detik, *annealing* 60°C selama 30 detik, ekstensi 72°C selama 30

detik, ekstensi akhir 72°C selama 5 menit. Tahapan *denaturasi* sampai *ekstensi* diulang sebanyak 35 kali.

### Penentuan Genotipe

Penentuan genotipe gen FTO menggunakan metode *restriction fragment length polymorphisms* (RFLP) dan sekuensing. RFLP dilakukan menggunakan enzim restriksi *HpyCH4III* (ACN|GT). Hasil RFLP divisualisasi menggunakan gel agarose 2% dengan buffer 0,5×TBE (*tris borax EDTA*) yang diwarnai dengan *fluorosafe*, gel difoto menggunakan UV *Transiluminator*.

Sekuensing dilakukan pada sampel sapi Bali dan Simental yang mewakili genotipe berbeda sebanyak dua sampel untuk setiap genotipe. Sekuensing dilakukan dengan menggunakan mesin sekuenser (*ABI Prims 3100-Avant Genetic Analyzer*) pada fragmen primer *forward* melalui jasa perusahaan sekuensing *1st Base* di Selangor, Malaysia.

### Analisis Data

**Frekuensi Genotipe dan Alel;** frekuensi genotipe merupakan rasio dari jumlah suatu genotipe terhadap jumlah populasi. Frekuensi genotipe dihitung berdasarkan rumus Nei dan Kumar (2000) sebagai berikut:

$$X_{ii} = n_{ii}/N,$$

Keterangan:

$X_{ii}$  = Frekuensi genotipe ke ii,  $n_{ii}$  = Jumlah sampel bergenotipe ii dan  $N$  = Jumlah sampel.

Frekuensi alel merupakan rasio suatu alel terhadap keseluruhan alel pada suatu lokus dalam populasi. Frekuensi alel dihitung berdasarkan dengan rumus:

$$X_i = (2n_{ii} + \sum n_{ij})/2N$$

Keterangan:

$X_i$  = frekuensi alel ke i,  $n_{ii}$  = jumlah sampel bergenotipe ii,  $n_{ij}$  = jumlah sampel bergenotipe ij,  $N$  = jumlah total sampel (Nei & Kumar, 2000).

**Heterozigositas;** keragaman genetik dapat diketahui melalui estimasi frekuensi heterozigositas pengamatan ( $H_o$ ) yang diperoleh dari masing-masing populasi dihitung dengan rumus:

$$H_o = \sum_{i \neq j} \frac{n_{ij}}{N}$$

Keterangan:

$H_o$  = heterozigositas pengamatan,  $n_{ij}$  = jumlah sampel heterozigot,  $N$  = jumlah sampel yang diamati.

Heterozigositas harapan ( $H_e$ ) dihitung dengan rumus:

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^q x_i^2$$

Keterangan:

$H_e$  = heterozigositas harapan,  $x_i$  = frekuensi alel,  $q$  = jumlah alel (Nei & Kumar 2000)

### Keseimbangan Hardy-Weinberg (KHW)

KHW dihitung dengan rumus:

$$X^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E}$$

Keterangan:

$X^2$  = chi-kuadrat,  $O$  = jumlah pengamatan genotipe ke I,  $E$  = jumlah harapan genotipe ke i. Derajat bebas (db) untuk uji KHW db = jumlah kemungkinan genotipe - jumlah alel (Allendorf et al., 2013).

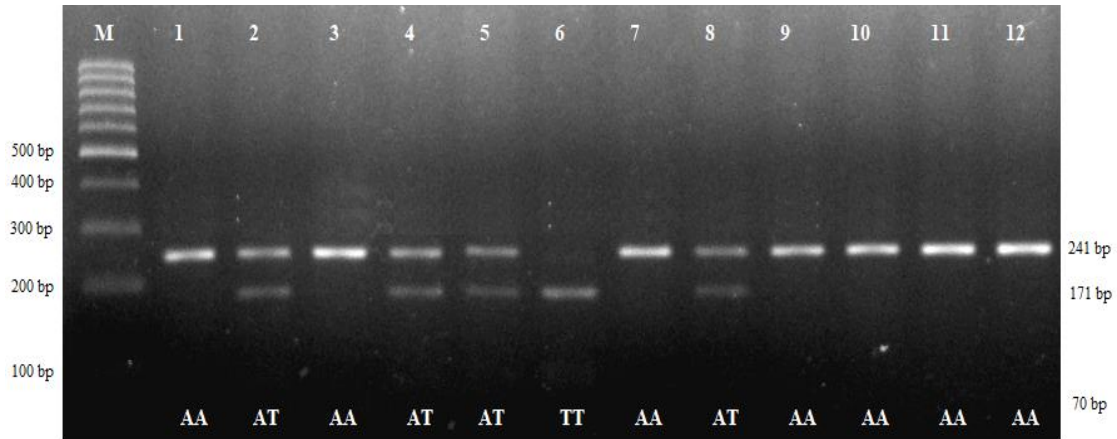
### Analisis Hasil Sekuensing

Hasil sekuensing gen FTO dianalisis dengan *software FinchTV* dan *BioEdit* (Hall 2011). Penentuan SNP menggunakan program *Molecular Evolutionary Genetic Analysis 7* (MEGA 7) (Tamura et al., 2011).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Amplifikasi Dan Variasi SNP g.125550A>T Gen FTO Pada Sapi Potong Indonesia

Gen FTO berhasil diamplifikasi pada suhu *annealing* 60 °C selama 30 detik menggunakan mesin thermal *cycler* merk *esco*. Produk PCR gen FTO yang dihasilkan sebesar 241 bp. Hasil penelitian ditemukan tiga genotipe pada bangsa sapi potong Indonesia yaitu genotipe AA, AT dan TT seperti tersaji pada Gambar 1. Alel A tidak terpotong oleh enzim restriksi *HpyCH4III* (ACN|GT) ditandai dengan 1 pita 241 bp, sedangkan alel T yang terpotong menghasilkan 2 pita sebesar 171 bp dan 70 bp. Variasi SNP g.125550A>T gen FTO terletak di ekson 3 telah dilaporkan sebelumnya pada sapi *Hanwoo* dimana sapi yang bergenotipe AA dan TT memiliki skor *marbling* yang lebih tinggi dibanding yang bergenotipe AT (Chung, 2014).



Gambar 1. Hasil PCR-RFLP SNP g.125550A>T pada ekson 3 gen FTO menggunakan enzim restriksi *HpyCH4III* pada gel agarose 2%. M = marker DNA 100 bp; 1 s/d 12 = sampel sapi potong; genotipe AA (241 bp), AT (241, 171 dan 70 bp) dan TT (171 dan 70 bp).

**Frekuensi Genotipe dan Alel SNP g.125550A>T Gen FTO Pada Sapi Potong Indonesia**

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa SNP g.125550A>T gen FTO bersifat polimorfik pada sapi madura, pesisir, katingan, PO, pasundan, SO, brahman, simental dan limousin karena frekuensi alel yang diperoleh lebih dari 0.01 (Nei & Kumar, 2000, Allendroft *et al.*, 2013). Frekuensi genotipe dan alel tersaji pada

Tabel 2. Frekuensi alel A tinggi pada bangsa sapi potong Indonesia yang diteliti diduga akibat seleksi dan manajemen perkawinan yang dilakukan oleh peternak. Penelitian-penelitian sebelumnya membuktikan terjadi asosiasi antara variasi gen FTO dengan deposisi lemak intramuskular dan tebal lemak punggung pada sapi lokal Cina (ekson 5), skor *marbling* pada sapi *Hanwoo* (ekson 3) (Wei *et al.*, 2011; Chung, 2014).

Tabel 2. Frekuensi genotipe dan frekuensi alel SNP g.125550A>T gen FTO pada sapi potong Indonesia

| Bangsa sapi   | Jumlah Sampel | Frekuensi Genotipe |      |      | Frekuensi Alel |      |
|---------------|---------------|--------------------|------|------|----------------|------|
|               |               | AA                 | AT   | TT   | A              | T    |
| Sapi bali     | 44 ekor       | 1,00               | 0,00 | 0,00 | 1,00           | 0,00 |
| Sapi madura   | 20 ekor       | 0,40               | 0,60 | 0,00 | 0,70           | 0,30 |
| Sapi pesisir  | 20 ekor       | 0,45               | 0,45 | 0,10 | 0,68           | 0,33 |
| Sapi katingan | 19 ekor       | 0,68               | 0,32 | 0,00 | 0,84           | 0,16 |
| Sapi PO       | 22 ekor       | 0,82               | 0,14 | 0,05 | 0,89           | 0,11 |
| Sapi pasundan | 20 ekor       | 0,45               | 0,50 | 0,05 | 0,70           | 0,30 |
| Sapi SO       | 11 ekor       | 0,73               | 0,27 | 0,00 | 0,86           | 0,14 |
| Sapi brahman  | 20 ekor       | 0,80               | 0,20 | 0,00 | 0,90           | 0,10 |
| Sapi simental | 15 ekor       | 0,47               | 0,53 | 0,00 | 0,73           | 0,27 |
| Sapi limousin | 18 ekor       | 0,44               | 0,50 | 0,06 | 0,69           | 0,31 |

Hasil analisis SNP g.125550A>T gen FTO pada sapi Bali bersifat monomorfik karena hanya ditemukan satu alel yaitu alel A (Nei & Kumar 2000, Allendroft *et al.*, 2013). Sapi Bali merupakan sapi asli Indonesia hasil domestikasi dari banteng (*Bibos banteng*) (Purwantara *et al.*, 2012). Hasil penelitian-penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa pada sapi Bali (*Bos*

*javanicus*) memiliki perbedaan posisi SNP dengan bangsa sapi *Bos taurus* maupun bangsa sapi *Bos indicus*. Beberapa penelitian yang menemukan posisi SNP baru pada sapi Bali seperti pada gen *calpain-1* (CAPN1) (Pratiwi *et al.* 2016), gen *myogenic factor 5* (Myf5), gen *myostatin* (MSTN) (Khasanah *et al.*, 2016), gen *stearoyl-CoA denaturase* (SCD) (Alwiyah *et al.*

2016), gen *thyroglobulin 5* (TG5) (Anwar et al. 2017), dan gen *endothelial differentiation sphingolipid G-protein-coupled receptor 1* (EDG1) (Sutikno et al., 2018).

**Nilai Heterozigositas dan Keseimbangan Hardy-Weinberg (KHW)**

Hasil analisis nilai heterozigositas pengamatan (Ho) dan nilai heterozigositas harapan (He) dan hasil uji *chi-square* ( $\chi^2$ ) SNP g.125550A>T gen FTO pada sapi potong

Indonesia disajikan pada Tabel 3. Hasil analisis nilai heterozigositas pengamatan (Ho) pada sapi potong Indonesia bervariasi dari tinggi ke rendah berturut-turut sebagai berikut: sapi madura, simental, pasundan, limousin, pesisir, katingan, SO, brahman, PO. Pada sapi bali nilai Ho dan He tidak dapat dianalisis karena monomorfik. Nilai heterozigositas merupakan rata-rata persentase lokus heterozigot tiap individu atau rata-rata persentase individu heterozigot dalam populasi (Nei & Kumar, 2000).

Tabel 3. Nilai Heterozigositas dan keseimbangan *Hardy-Weinberg* pada bangsa sapi potong Indonesia

| Bangsa Sapi   | Jumlah sampel   | Heterozigositas |      | KHW                 |
|---------------|-----------------|-----------------|------|---------------------|
|               |                 | Ho              | He   |                     |
| Sapi Bali     | 44 ekor         | 0,00            | 0,00 | -                   |
| Sapi Madura   | 20 ekor         | 0,60            | 0,42 | 3,67 <sup>tn</sup>  |
| Sapi Pesisir  | 20 ekor         | 0,45            | 0,44 | 0,013 <sup>tn</sup> |
| Sapi Katingan | 19 ekor         | 0,32            | 0,27 | 0,668 <sup>tn</sup> |
| Sapi PO       | 22 ekor         | 0,14            | 0,20 | 2,296 <sup>tn</sup> |
| Sapi Pasundan | 20 ekor         | 0,50            | 0,42 | 0,726 <sup>tn</sup> |
| Sapi SO       | 11 ekor         | 0,27            | 0,24 | 0,274 <sup>tn</sup> |
| Sapi Brahman  | 20 ekor         | 0,20            | 0,18 | 0,247 <sup>tn</sup> |
| Sapi Simental | 15 ekor         | 0,53            | 0,39 | 1,983 <sup>tn</sup> |
| Sapi Limousin | 18 ekor         | 0,50            | 0,42 | 0,571 <sup>tn</sup> |
| <b>TOTAL</b>  | <b>209 ekor</b> |                 |      |                     |

Ho: heterozigositas pengamatan, He: heterozigositas harapan, KHW: Keseimbangan Hardy-Weinberg ( $\alpha$  5% = 3.841), <sup>tn</sup>: tidak nyata ( $\chi^2$  hitung <  $\chi^2$  tabel);

Keragaman genetik suatu populasi dapat diukur menggunakan nilai heterozigositas (Marson et al. 2005). Nilai heterozigositas tinggi menunjukkan tingginya keragaman genetik dalam suatu populasi. Nilai heterozigositas harapan (He) berkisar antara 0.44-0.14. Pada sapi Katingan dan sapi PO nilai Ho lebih kecil dari nilai He, hal ini dapat dijadikan indikasi adanya derajat endogami (perkawinan dalam kelompok) sebagai akibat dari proses seleksi yang intensif (Tambasco et al. 2003).

Hasil analisis *chi-square* ( $\chi^2$ ) SNP g.125550A>T gen FTO menunjukkan bahwa selain pada sapi Bali, variasi SNP g.125550A>T gen FTO pada bangsa sapi potong Indonesia berada dalam keadaan keseimbangan *Hardy-Weinberg*. Pada sapi Bali tidak dapat dianalisis keseimbangan *Hardy-Weinberg*nya karena bersifat monomorfik. Suatu populasi ternak dinyatakan berada dalam keseimbangan *Hardy-Weinberg* apabila frekuensi genotipe dan frekuensi alelnya konstan dari generasi ke

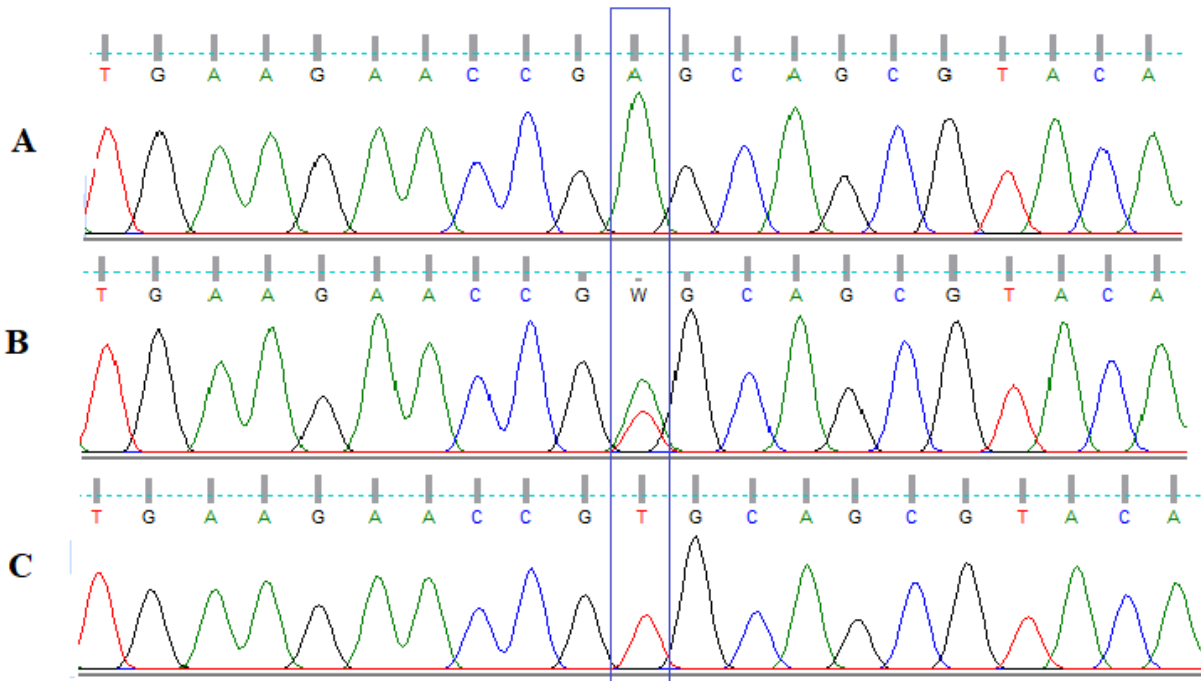
generasi yang diakibatkan oleh penggabungan gamet yang terjadi secara acak dalam populasi yang besar (Allendorf et al., 2013).

**Hasil Sekuensing SNP g.125550A>T Gen FTO Pada Sapi Potong Indonesia**

Hasil sekuensing SNP g.125550A>T gen FTO di ekson 3 pada sapi potong Indonesia tersaji pada gambar 2. Setelah dilakukan penyejajaran sekuen nukleotida dengan data GenBank (no akses AC\_000175.1 dan HM777022.1) menunjukkan bahwa pada genotipe AA terjadi mutasi tranversi antara basa timin menjadi adenin (T>A) pada posisi nukleotida ke 173 (dihitung dari primer *forward*) atau pada posisi g.125550 (dihitung dari *start* kodon ATG) dari total genom gen FTO (GenBank no. AC\_000175.1). Mutasi berupa SNP g.125550T>A merupakan mutasi *non-synonymous* yaitu mutasi yang menyebabkan perubahan sekuen asam amino dari sebuah protein, dari asam amino valina (GTA) menjadi

asam glutamat (GAA) (Brown, 2007). Perubahan asam amino ini yang diduga menyebabkan perubahan fenotipe pada sapi, dimana sapi *Hanwoo* yang bergenotipe

homozigot AA dan TT memiliki skor *marbling* yang lebih tinggi dibanding yang bergenotipe heterzigot AT (Chung, 2014).



Gambar 2. Hasil sekuensing SNP g.125550A>T di ekson 3 gen FTO. A : Genotipe AA; B : Genotipe AT; C : genotipe TT; W : nukleotida A dan T.

Mutasi gen FTO pada posisi g.125550A>T dikenali oleh enzim restriksi *HpyCH4III* (ACNIGT), dimana alel T terpotong pada posisi nukleotida ke 171 bp (dihitung dari primer *forward*). Mutasi transversi merupakan mutasi titik yang menyebabkan perubahan basa nitrogen tidak sejenis, contohnya perubahan basa purin dengan pirimidin (G>C, G>T, A>C, A>T) atau sebaliknya (Keller *et al.* 2007).

### KESIMPULAN

SNP g.125550A>T gen FTO bersifat polimorfik pada bangsa sapi potong Indonesia yang terdiri atas: sapi madura, sapi pesisir, sapi katingan, sapi PO, sapi pasundan, sapi SO, sapi brahman, sapi simental dan sapi limousin. Sementara pada sapi bali bersifat monomorfik. Polimorfisme SNP g.125550A>T gen FTO pada ekson 3 berpotensi dijadikan marka genetik untuk sifat kualitas daging pada bangsa sapi potong Indonesia.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini telah dibiayai oleh hibah Penelitian Disertasi Doktor (PDD) dengan nomor kontrak 3/E1/KP.PTNBH/2019 dari

Direktorat Jenderal Penguatan Riset dan Pengembangan Kemenristekdikti tahun anggaran 2019.

### DAFTAR PUSTAKA

- Allendorf, F.W., G. Luikar, & S.N. Aitken. 2013. Conservation and the genetics of population. 2<sup>nd</sup> edition. Wiley-Blackwell. Oxford.
- Alwiyah, H. Nuraini, P.P. Agung, & Jakaria. 2016. Polymorphism stearoyl-CoA desaturase (SCD) gene and associaton with characteristics meat in Bali cattle. *J. Indonesian Trop. Anim. Agric.* 41(4):188-195.
- Anwar, S., A.C. Putra, A.S. Wulandari, P.P. Agung, W.P.B. Putra, & S. Said. 2017. Genetic polymorphism analysis of 5' untranslated region of thyroglobulin gene in bali cattle (*Bos javanicus*) from three different regions of Indonesia. *J. Indonesian Trop. Anim. Agric.* 42(3):175-184.
- Brown, T.A. 2007. Genomes 3. 3<sup>rd</sup> ed. Garland Sci. New York.

- Chung, E.R. 2014. Novel SNP in the coding region of the FTO gene is associated with marbling score in *Hanwoo* (Korean cattle). *J. Anim. Sci. Tech.* 56:27.
- Hall, T.A. 2011. BioEdit: An important software for molecular biology. *GERF Bull Biosci.* 2(1):60-61.
- Keller, I., D. Bensasson, & R.A. Nichols. 2007. Transition-transversion bias is not universal: a counter example from grasshopper pseudogenes. *PLoS Genet* 3(2):0185-0191.
- Khasanah, H., A. Gunawan, R. Priyanto, M.F. Ulum, & Jakaria. 2016. Polymorphism of myostatin (mstn) promoter gene and its association with growth and muscling traits in Bali cattle. *Media Peternakan* 39 (2),95-103.
- Marson, E.P., J.B.S. Ferraz, F.V. Meirelles, J.C.C. Balieiro, J.P. Eler, L.G.G. Figuerido, & G.B. Mourao. 2005. Genetic characterization of European-Zebu composite bovine using RFLP markers. *Genet Mol Res.* 4(3):496-505.
- Matukumalli, L.K., C.T. Lawley, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, M.F. Allan, M.P. Heaton, J. O'Connell, S.S. Moore, & T.P. Smith, TS Sonstegard, CP Van Tassell. 2009. Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle. *PLoS.* 4, e5350.
- Nei, M., & S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics.* Oxford University Press. New York.
- Pratiwi, N., Maskur, R. Priyanto, & Jakaria. 2016. Novel SNP of calpain-1 (CAPN1) gene and its association with carcass and meat characteristics traits in bali cattle. *J. Indonesian Trop. Anim. Agric.* 41(3):1-6.
- Purwantara, B., R.R. Noor, G. Anderson, & H. Martinez. 2012. Banteng dan sapi Bali di Indonesia: status and forecasts. *J Reprod Dom Anim.* 14(1):37-41.
- Sambrook, J., & D. Russell. 2001. *Molecular Cloning: a Laboratory Manual.* 3<sup>rd</sup> ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York.
- Sutikno, S., R. Priyanto, C. Sumantri, & Jakaria. 2018. Polymorphism of ADIPOQ and EDG1 genes in Indonesian beef cattle. *J. Indonesian Trop. Anim. Agric.* 43(4):323-332.
- Tambasco, D.D., C.C.P. Paz, M.S. Tambasco, A.P. Pereira, M.M. Alencar, A.R. Freitas, L.L. Coutinho, I.U. Packer, & C.A. Regitano. 2003. Candidate genes for growth traits in beef cattle crosses *Bos taurus* x *Bos indicus*. *J Anim Breed Genet.* 120(1):51-56.
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei, & S. Kumar. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol.* 28(10):2731-2739.
- Wei, S., L. Zan, J.A. Ujan, H. Wang, Y. Yang, & C. Adoligbe. 2011. Novel polymorphism of the bovine fat mass and obesity-associated (FTO) gene are related to backfat thickness and longissimus muscle area in five Chinese native cattle breeds. *Afr J Biotechnol* 10:2820-2824.