

Keragaman Gen Hormon Pertumbuhan Reseptor (GHR) pada Sapi Perah Friesian Holstein

RESTU MISRIANTI¹, C. SUMANTRI² dan A. ANGGRAENI³

¹Universitas Islam Negeri Sultan Syarif Kasim Riau, rest_42@yahoo.co.id

²Fakultas Peternakan-Institut Pertanian Bogor

³Balai Penelitian Ternak- PO Box 221 Bogor

(Diterima Dewan Redaksi 26 Agustus 2011)

ABSTRACT

MISRIANTI, R., C. SUMANTRI and A. ANGGRAENI. 2011. Polymorphism of growth hormone receptor (GHR) gene in Holstein Friesian dairy cattle. *JITV* 16(4): 253-259.

Growth hormone gene have a critical role in the regulation of lactation, mammary gland development and growth process through its interaction with a specific receptor. Growth hormone (GH) is an anabolic hormone which is synthesized and secreted by somatotrop cell in pituitary anterior lobe, and interacts with a specific receptor on the surface of the target cells. Growth hormone receptor (GHR) has been suggested as candidate gene for traits related to milk production in *Bovidae*. The purpose of this study was to identify genetic polymorphism of the Growth Hormone Receptor (GHR) genes in Holstein Friesian (HF) cattle. Total of 353 blood samples were collected from five populations belonging to Cikole Dairy Cattle Breeding Station (BPPT-SP Cikole) (88 samples), Pasir Kemis (95 samples), Cilumber (98 samples), Cipelang Livestock Embryo Center (BET Cipelang) (40 samples), Singosari National Artificial Insemination Centre (BBIB Singosari) (32 samples) and 17 frozen semen samples from Lembang Artificial Insemination Center (BIB Lembang). Genomic DNAs were extracted by a standard phenol-chloroform protocol and amplified by a polymerase chain reaction (PCR) techniques then PCR products were genotyped by the Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR-RFLP) methods. There were two allele dan three genotypes were found namely: allele A and G, Genotype AA, AG and GG respectively. Allele A frequency (0.70-0.82) relatively higher than allele G frequency (0.18-0.30). Chi square test show that on group of BET Cipelang, BIB Lembang and BBIB Singosari population were not significantly different (0.00-0.93), while on group of BET Cipelang, BIB Lembang dan BBIB Singosari population were significantly different (6.02-11.13). Degree of observed heterozygosity (H_o) ranged from 0.13-0.42 and expected heterozygosity (H_e) ranged from 0.29-0.42.

Key Words: Growth Hormone Receptor, Polymorphism, Holstein Friesian Cattle

ABSTRAK

MISRIANTI, R., C. SUMANTRI dan A. ANGGRAENI. 2011. Keragaman gen hormon pertumbuhan reseptor (GHR) pada sapi perah Friesian Holstein. *JITV* 16(4): 253-259.

Gen hormon pertumbuhan memiliki peran penting dalam pengaturan siklus laktasi, perkembangan kelenjar susu dan proses pertumbuhan melalui interaksi dengan reseptor spesifik. Hormon pertumbuhan (*growth hormone*, GH) merupakan hormon anabolik yang disintesis dan disekresikan oleh sel somatotrop di *lobus anterior hipofisa*. Hormon pertumbuhan berinteraksi dengan reseptor spesifik pada permukaan sel target. Reseptor hormon pertumbuhan (*growth hormone receptor*, GHR) telah dijadikan sebagai kandidat gen untuk sifat-sifat yang terkait dengan produksi susu pada kelompok *bovidae*. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi keragaman gen GHR pada sapi Friesian Holstein (FH). Sampel darah sebanyak 353 sampel dikumpulkan dari lima populasi yang terdiri dari Balai Pengembangan Pembibitan Ternak Sapi Perah (BPPT-SP) Cikole (88 sampel), Pasir kemis (96 sampel), Cilumber (98 sampel), Balai Embrio Transfer (BET) Cipelang (40 sampel), Balai Besar Inseminasi Buatan (BBIB) Singosari (32 sampel), dan 17 sampel dari semen di Balai Inseminasi Buatan (BIB) Lembang. DNA genom diekstraksi menggunakan protokol standar fenol-kloroform dan diamplifikasi menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Penentuan genotipe gen GHR dilakukan menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism* (PCR-RFLP). Hasil penelitian menunjukkan bahwa pada lokus GHR|*AluI* ditemukan dua alel yaitu A dan G dengan tiga genotipe yaitu AA, AG dan GG. Frekuensi alel A (0,70-0,82) lebih tinggi dari alel G (0,18-0,30). Pengujian χ^2 menunjukkan bahwa pada kelompok populasi BPPT-SP Cikole, Cilumber dan Pasir kemis tidak berbeda nyata (0,00-0,93), sedangkan pada kelompok populasi BET Cipelang, BIB Lembang dan BBIB Singosari berbeda nyata (6,02-11,13). Derajat heterozigositas observasi (H_o) berkisar antara 0,13-0,42 dan heterozigositas harapan (H_e) berkisar antara 0,29-0,42.

Kata Kunci: Reseptor Hormon Pertumbuhan, Keragaman, Sapi Friesian Holstein

PENDAHULUAN

Tingkat produksi susu dari peternakan sapi perah di Indonesia masih lebih rendah dibandingkan dengan kebutuhannya, sehingga masih terdapat kesenjangan antara produksi dan kebutuhan susu. Beberapa hal yang menyebabkan kondisi tersebut adalah rendahnya populasi dan potensi genetik sapi perah, serta kondisi manajemen pemeliharaan yang kurang baik. Salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk meningkatkan produksi susu sapi Friesian Holstein (FH) di Indonesia adalah dengan melakukan seleksi. Seleksi dilakukan dengan memilih pejantan dan betina unggul untuk dipakai sebagai sumber materi genetik bagi generasi berikutnya. Seleksi pada sapi perah biasanya didasarkan pada sifat produksi susu. Produksi susu merupakan sifat kuantitatif yang dikendalikan banyak gen, dan ekspresinya merupakan akumulasi dari pengaruh genetik, lingkungan dan interaksi keduanya. Gen GH, GHR, dan kelompok gen hormon pertumbuhan lainnya seperti *Insulin Like Growth Factor - I (IGF-I)* dan *Pituitary Specific Transcription Factor - I (PIT-I)* banyak digunakan dalam studi gen kandidat terhadap sifat-sifat produksi ternak, untuk selanjutnya digunakan sebagai marker genetik dalam seleksi (SUMANTRI *et al.*, 2009). Hal ini disebabkan karena hormon-hormon tersebut merupakan hormon regulator pertumbuhan ternak dan perkembangan tubuh ternak.

Penelitian mengenai keragaman gen GH dan hubungannya dengan produksi susu telah dilakukan pada sapi perah di luar negeri, diantaranya pada sapi Friesian Holstein Hungaria (BALOGH *et al.*, 2009), sapi Holstein Iran (MUHAMMADABADI *et al.*, 2010), dan Sapi FH Polandia (OLENSKI *et al.*, 2010). Berdasarkan hasil beberapa studi tersebut diketahui bahwa gen GHR berperan penting dalam mengatur pertumbuhan kelenjar mammae dan produksi susu, metabolisme, laktasi dan komposisi tubuh. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman genetik gen GHR pada sapi FH di daerah Jawa barat.

MATERI DAN METODE

Sampel DNA sapi Friesian Holstein

Sampel DNA yang digunakan berasal dari sampel darah dan semen beku. Sampel darah sapi FH yang diambil dari bagian *vena jugularis*, sedangkan sampel semen beku didapatkan dari sapi yang digunakan sebagai pejantan di BIB. Total sampel yang digunakan sebanyak 370 sampel yang terdiri dari 353 sampel darah dan 17 sampel sperma beku. Sampel darah yang digunakan sebanyak 353 sampel, berasal dari populasi Balai Pengembangan Perbibitan Ternak Sapi Perah (BPPT-SP) Cikole (88 sampel), Balai Embrio Ternak (BET) Cipelang (34 sampel) kedua berasal dari

peternakan rakyat Desa Cilumber (98 sampel) dan Pasir Kemis (95 sampel), Balai Besar Inseminasi Buatan (BBIB) Singosari (32 sampel). Sampel semen beku yang digunakan sebanyak 17 sampel yang berasal dari pejantan di Balai Inseminasi Buatan (BIB) Lembang. Sampel darah dan semen beku yang digunakan disimpan dalam *ethanol* 96%.

Primer

Primer untuk mengamplifikasi ruas gen GHR mengikuti GE *et al.* (2000) yang dimodifikasi oleh ANDREAS *et al.* (2010). Panjang produk hasil amplifikasi sepanjang 298 pb. Runutan primer *forward* 5'-CGC TTA CTT CTG CGA GGT AGA CGC -3' dan *reverse* 5'-GTC TGT GCT CAC ATA GCC AC -3'.

Ekstraksi DNA dari sampel darah dan semen beku

Ekstraksi DNA dilakukan dari darah dan semen beku. Ekstraksi DNA dari sampel darah dan semen beku dilakukan menggunakan metode ekstraksi *phenol-chloroform* (SAMBROOK *et al.*, 1989) yang telah dimodifikasi untuk sampel darah dan semen beku yang disimpan dalam *ethanol*. Tahapan ekstraksi DNA dari darah dan semen beku dijelaskan sebagai berikut:

Preparasi sampel

Sampel darah dan semen dalam *ethanol* sebanyak 200 µl dan 400 µl dimasukkan ke dalam tabung 1,5 ml. Sampel dicuci dari *ethanol* dengan menambahkan air destilasi sampai 1000 µl, divorteks dan dibiarkan selama 20 menit. Sampel kemudian diendapkan dengan sentrifugasi pada kecepatan 8000 rpm selama 5 menit.

Degradasi protein

Sampel darah dan sperma yang telah bersih dari alkohol ditambahkan 1x STE (sodium tris EDTA) sampai volume 340 µl, 40 µl sodium dosesil sulfat 10% dan 20 µl proteinase K 5 mg/ml. Campuran diinkubasi pada suhu 50°C selama semalam sambil digoyang pelan.

Degradasi bahan organik

Sampel yang telah diinkubasi ditambahkan 400 µl larutan phenol, 400 µl choloform:isoamyl alcohol (24:1) dan 40 µl NaCl 5M. Campuran digoyang pada suhu ruang selama satu jam.

Presipitasi DNA

Sampel selanjutnya disentrifugasi pada kecepatan 5000 rpm selama 10 menit hingga fase air terpisah

dengan fase phenol. Fase air dipindahkan dalam tabung baru dengan volume terukur. Molekul DNA diendapkan dengan cara menambahkan 2x volume alkohol absolut dan 0,1x volume NaCl 5M. Campuran kemudian diinkubasi pada suhu -20°C selama semalam. Pengendapan DNA selanjutnya dilakukan dengan sentrifugasi pada kecepatan 12000 rpm selama 10 menit. Endapan DNA yang diperoleh dicuci dengan alkohol 70%, kemudian diendapkan lagi. Endapan DNA yang telah bersih dari alkohol dipulihkan dengan menambahkan 100 µl TE (Tris EDTA). Sampel DNA disimpan pada suhu -20°C dan siap untuk digunakan.

Amplifikasi ruas Gen GHR|AluI

Amplifikasi ruas gen hormon pertumbuhan reseptor dilakukan menggunakan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Pereaksi yang digunakan untuk amplifikasi kedua ruas gen target adalah 2 µl sampel DNA cetakan, primer 1 pmol, dNTPs 200 µM, MgCl₂ 1 mM, dan 0,5 unit dreamTaq™ DNA polymerase (fermentas) dan bufernya dalam larutan total 25 µl. Amplifikasi *in vitro* dengan mesin *thermal cycler* dilakukan dengan kondisi denaturasi awal pada suhu 94°C selama 5 menit, 35 siklus yang terdiri dari denaturasi pada suhu 94°C selama 45 detik, *annealing* pada suhu 62°C selama 45 detik dan *extensi* pada suhu 72°C selama 1 menit, dan *extensi* akhir pada suhu 72°C selama 5 menit.

Penentuan genotipe dengan pendekatan PCR-RFLP

Penentuan genotipe masing-masing individu dilakukan dengan pendekatan *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP) yang divisualisasikan pada gel agarosa 2% dengan bufer 0,5x TBE (tris borat EDTA) yang difungsikan pada tegangan 100 V selama 40 menit yang diwarnai dengan etidium bromida (EtBr), divisualisasikan menggunakan UV transluminator dan di foto menggunakan *gel documentation system* (*Alpha Imager*). Enzim pemotong yang digunakan untuk ruas gen GHR adalah *AluI* yang diinkubasikan pada suhu 37°C.

Analisis data

Frekuensi genotipe dan alel dihitung berdasarkan NEI dan KUMAR (2000). Analisis nilai χ^2 dan derajat heterozigositas lokus GHR|AluI diuji menggunakan *software Tools for Population Genetic Analyses* (TFPGA).

Frekuensi Alel

$$x_i = \frac{(2 N_{ii} + N_{ij})}{2 N}$$

Keterangan:

χ_i = Frekuensi alel ke-i

N_{ii} = Jumlah genotipe ii

N_{ij} = Jumlah genotipe ij

Chi Kuadrat (χ^2)

$$\chi^2 = \sum \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

Keterangan:

χ^2 = nilai chi-square

O_i = jumlah pengamatan genotipe i

E_i = jumlah harapan genotipe i

Heterozigositas

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

Keterangan:

H_o = heterozigositas pengamatan

N_{ij} = jumlah individu heterosigot

N = jumlah individu yang diamati

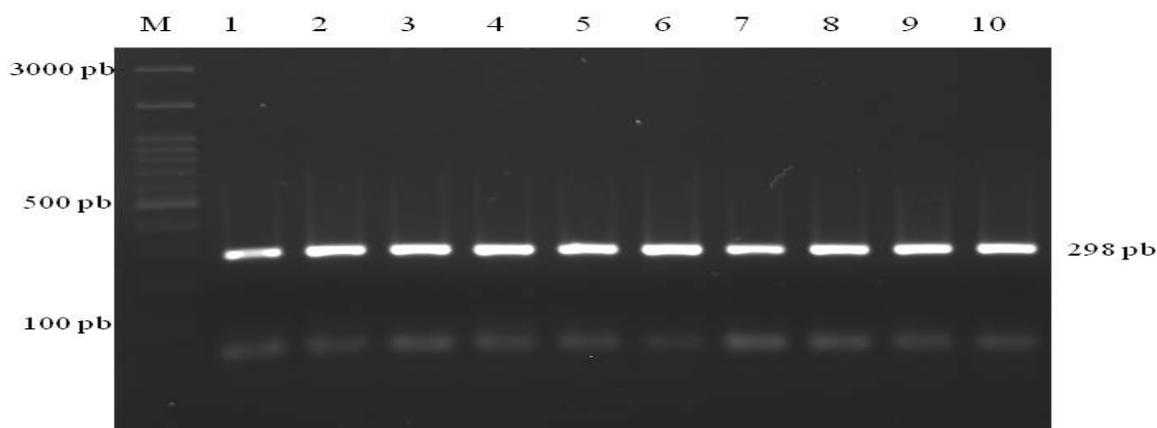
HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi ruas gen GHR

Tingkat keberhasilan amplifikasi gen GHR ekson 10 dalam penelitian ini adalah 100%. Panjang produk hasil amplifikasi ruas gen GHR adalah 298 pb yang terletak pada ekson 10 (Genbank Nomor Akses AY053546). Hasil amplifikasi ruas gen GHR ekson 10 di visualisasikan pada gel agarose 1,5% yang disajikan pada Gambar 1. Suhu dan lama waktu *annealing* juga menentukan tingkat spesifitas hasil amplifikasi. Faktor lain yang berperan dalam menentukan keberhasilan amplifikasi adalah kualitas atau tingkat kemurnian DNA yang digunakan sebagai DNA *template*.

Keragaman genotipe gen GHR sapi FH dengan pendekatan PCR-RFLP

Berdasarkan sekuen DNA ruas gen GHR yang diamplifikasi terdapat dua situs pemotongan *AluI*, yang menghasilkan fragmen dengan panjang 50, 81 dan 167 pb yang dikenal dengan alel A (Gambar 2). Keragaman pada ruas gen GHR|AluI disebabkan karena adanya mutasi atau perubahan basa pada posisi ke 256, yaitu dari A menjadi G. Perubahan tersebut menyebabkan situs pemotong tidak dikenali oleh enzim *AluI*, sehingga menghasilkan fragmen sepanjang 167 dan 131 pb, yang dikenal dengan alel G (GE *et al.*, 2000; DI STASIO *et al.*, 2005).



Gambar 1. Visualisasi hasil amplifikasi ruas gen GHR pada gel agarose 1,5%. M = Marker 100 pasang basa (pb), 1-10 = nomor sampel

Perbedaan sekuen alel A dan G yang disebabkan mutasi pada posisi ke 256 (A menjadi G) pada gen GHR ekson 10 disajikan pada Gambar 3. Perubahan basa tersebut menyebabkan perubahan asam amino *Serine* menjadi *Glicine*. Hasil *genotyping* pada ruas gen GHR menghasilkan tiga genotipe, yaitu AA, AG dan GG. Genotipe AA ditunjukkan fragmen sepanjang 50, 81 dan 167 pb. Genotipe GG ditunjukkan fragmen sepanjang 131 dan 167 pb. Sedangkan untuk genotipe AG merupakan gabungan dari keduanya yaitu fragmen sepanjang 50, 81, 131 dan 167 pb (Gambar 4).

Munculnya tiga fragmen pada individu yang sama

dimungkinkan karena adanya tipe yang berbeda dari kromosom homolog yang diturunkan oleh masing-masing tetua (jantan dan betina) pada saat fertilisasi. Ternak dengan genotipe homozigot AA menunjukkan bahwa kedua tetua menyumbangkan alel (gen) yang sama. Ternak dengan genotipe heterozigot (AG) merupakan kombinasi dua alel berbeda dari kedua tetuanya. Asumsi yang mendukung dalam penentuan tipe genotipe ini yaitu semua pita yang memiliki laju migrasi yang sama merupakan alel yang homolog (NEI dan KUMAR, 2000).

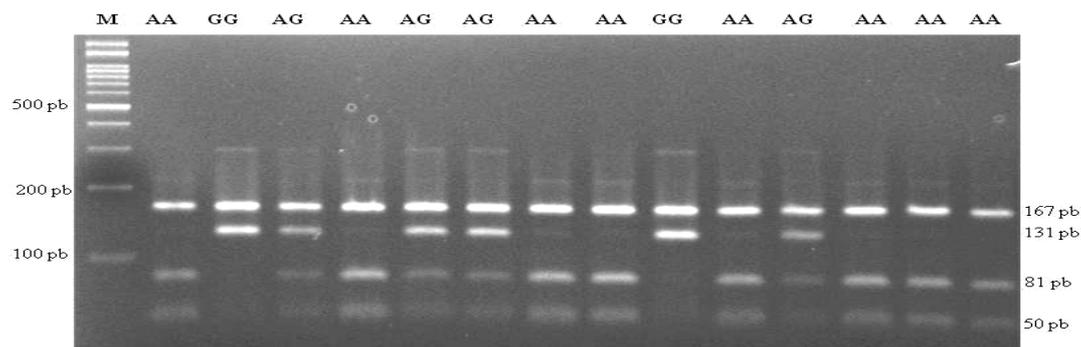
```

3241 taacttcacg gtggacaacg cttacttctg cgaggtagac gccaaaaagt acattgcctt
3301 ggccctcac gtcgaggctg aatcacacgt agagccaAgc tttaaccagg aagacattta
3361 catcaccaca gaaagcetta ccactacagc tgggaggtcg gggacagcag aacatgttcc
3421 aagttctgag atacctgtcc cagattatac ctccattcat atagtacagt ctccacaggg
3481 cctcgactc aatgcgactg ccctgccctt gcctgacaaa gagtttctct catcatgtgg
3541 ctatgtgagc acagaccaac tgaacaaaat catgccatag cttttctttg atttcccatg
    
```

Gambar 2. Runutan nukleotida ruas gen GHR (Genbank nomor akses Kode Akses. EF207442). Posisi primer (cetak tebal bergaris bawah), situs pemotongan enzim *AluI* (cetak tebal), dan titik mutasi (cetak tebal huruf kapital) (GE *et al.*, 2000)

Alel A : 5'- aatcacacgtagagcca**Agc**ttaaccagg -3'
 Alel G : 5'- aatcacacgtagagcca**Gg**cttaaccagg -3'

Gambar 3. Perbedaan sekuen alel A dan G gen GHR|*AluI*. Situs potong enzim restriksi *AluI* (cetak tebal) dengan titik mutasi (kapital)



Gambar 4. Visualisasi PCR-RFLP ruas gen GHR|AluI pada gel agarosa 2%. M: Marker 100 pb. AA: 50, 81 dan 167 Pb AG: 50, 81, 131 dan 167 pb dan GG: 131 dan 167 pb

Hasil analisis ruas gen GHR|AluI menunjukkan bahwa frekuensi alel A 50% lebih tinggi dibandingkan frekuensi alel G (Tabel 1). Frekuensi alel A tinggi disemua lokasi dengan kisaran 0,70-0,82. Tingginya frekuensi alel A menyebabkan tingginya frekuensi genotipe AA di semua lokasi pengamatan. Frekuensi alel A yang tinggi dapat disebabkan oleh tingginya frekuensi alel A pada populasi pejantan di dua BIB nasional, yaitu BIB Lembang (0,82) dan BBIB Singosari (0,81). Penelitian yang sama pada sapi FH Polandia menunjukkan hasil yang serupa, dimana frekuensi alel A lebih tinggi dari alel G, yaitu 0,832 dan 0,168 (OLENSKI *et al.*, 2010).

Pada populasi sapi FH secara keseluruhan dalam penelitian ini menunjukkan bahwa genotipe AA merupakan genotipe yang umum, paling banyak ditemukan pada semua populasi. OLENSKI *et al.* (2010) yang menganalisis keragaman gen GHR|AluI pada sapi Friesian Holstein Polandia menunjukkan hasil yang serupa, dimana *genotyping* pada 395 sapi betina dan 477 pejantan FH menghasilkan tiga genotipe yaitu AA, AG dan GG. Frekuensi genotipe AA tinggi pada pejantan dan betina. Frekuensi genotipe AA, AG dan

GG berturut-turut pada betina adalah 0,70; 0,27 dan 0,04. Sedangkan pada pejantan, frekuensi genotipe AA, AG, dan GG berturut-turut adalah 0,79; 0,20 dan 0,01. Hasil yang sama juga didapatkan KOVACS (2006) yang mengidentifikasi keragaman gen GHR|AluI pada sapi FH Hungaria. Hasil *genotyping* pada populasi tersebut menunjukkan terdapat tiga genotipe pada ruas GHR|AluI, dengan frekuensi genotipe tertinggi adalah frekuensi genotipe AA. Frekuensi genotipe GG dan frekuensi alel G rendah pada populasi yang diamati dengan frekuensi alel G yang didapatkan adalah 0,12.

Keseimbangan Hardy - Weinberg

Keseimbangan alel dalam suatu populasi (Keseimbangan Hardy – Weinberg) dilihat berdasarkan besarnya nilai *chi* kuadrat (χ^2) yang dihitung berdasarkan perbedaan frekuensi genotipe pengamatan dengan frekuensi genotipe harapan. Hasil pengujian nilai χ^2 pada lokus GHR|AluI (Tabel 2) menunjukkan bahwa pada populasi BPPT Cikole, Cilumber dan Pasir Kemis dalam keadaan seimbang, sedangkan pada

Tabel 1. Frekuensi alel dan genotipe pada ruas gen GHR|AluI

Populasi	Alel		Genotipe		
	A	G	AA	AG	GG
BBIB Singosari (32)	0,81	0,19	0,75	0,13	0,13
BBIB Lembang (17)	0,82	0,18	0,76	0,12	0,12
Sub total (49)	0,82	0,18	0,76	0,12	0,12
BPPT-SP Cikole (88)	0,70	0,30	0,49	0,42	0,09
Cilumber (98)	0,78	0,22	0,61	0,33	0,06
Pasir Kemis (95)	0,73	0,27	0,52	0,43	0,05
BET Cipelang(40)	0,78	0,22	0,68	0,20	0,13
Total (370)	0,75	0,25	0,58	0,34	0,08

Tabel 2. Hasil pengujian niali χ^2 lokus GHR|AluI pada sapi FH

Populasi	N	AA(O/E)	AG(O/E)	GG(O/E)	db	(χ^2) Chi square
BPPT-SP Cikole	88	43/42,98	37/37,04	8/7,98	1	0,00tn
Cilumber	98	60/58,94	32/34,12	6/4,94	1	0,38tn
Pasir Kemis	95	49/50,84	41/37,32	5/6,84	1	0,93tn
BET cipelang	40	27/24,03	8/13,95	5/2,02	1	7,28**
BIB Lembang	17	13/11,53	2/4,94	2/0,52	1	6,02*
BBIB Singosari	32	24/21,13	4/9,75	4/1,12	1	11,13**

O = Nilai Pengamatan; E = Nilai harapan; db = derajat bebas; tn = tidak nyata; $\chi^2_{0,05} = 3,84$ dan $\chi^2_{0,01} = 6,64$

populasi BET Cipelang, BIB Lembang, BBIB Singosari berada dalam keadaan tidak seimbang. HARTL dan CLARK (1997), GILLESPIE (1998) dan NEI dan KUMAR (2000) menyatakan bahwa suatu populasi yang cukup besar akan berada dalam keseimbangan jika tidak terjadi proses seleksi, mutasi, migrasi, dan *genetic drift*. VASCONCELLOS *et al.* (2003) menambahkan bahwa suatu populasi dikatakan dalam keadaan keseimbangan Hardy – Weinberg apabila frekuensi genotipe (P^2 , $2pq$, q^2) dan frekuensi alel (p dan q) konstan dari generasi ke generasi, karena penggabungan gamet yang terjadi secara acak dalam populasi yang besar.

Berdasarkan pemaparan tersebut mengindikasikan bahwa pada populasi BPPT Cikole, Cilember dan Pasir Kemis tidak terjadi adanya proses seleksi. Hal yang sebaliknya terjadi pada BET Cipelang, BIB lembang dan BBIB Singosari yang melakukan seleksi ketat, karena ternak yang dipelihara di BIB dan BBIB merupakan pejantan hasil seleksi untuk disebar ke industri peternakan dan peternakan rakyat, sedangkan populasi BET merupakan sumber induk bagi calon pejantan yang akan disebar ke BBIB, BIB dan beberapa BIB daerah lainnya.

Derajat heterozigositas

Nilai heterozigositas bisa dijadikan indikator intensitas seleksi yang dilakukan pada suatu populasi. HARTL dan CLARK (1997) menyatakan bahwa nilai heterozigositas pengamatan (H_o) dan nilai heterozigositas harapan (H_e) juga dapat digunakan sebagai salah satu cara untuk menduga nilai koefisien biak dalam (*inbreeding*) pada suatu kelompok ternak. Secara umum nilai heterozigositas, khususnya nilai heterozigositas harapan (H_e) merupakan indikator yang baik sebagai penciri genetik yang dapat menjelaskan keragaman genetik populasi ternak domestik (MOILOI *et al.*, 2004).

Berdasarkan nilai heterozigositas lokus GHR|AluI pada semua populasi yang diamati menunjukkan rendahnya keragaman pada lokus yang diamati. Nilai

heterozigositas lokus GHR|AluI berkisar antara 0,12-0,43 (Tabel 3). Nilai heterozigositas pada kelompok populasi BPPT Cikole, Cilumber dan Pasir Kemis relatif lebih besar dari kelompok BET Cipelang, BIB Lembang, dan BBIB Singosari. Nilai heterozigositas yang rendah pada populasi BET Cipelang, BIB Lembang dan BBIB Singosari sejalan dengan hasil pengujian χ^2 yang mengindikasikan intensitas seleksi yang lebih tinggi dibandingkan kelompok populasi yang lainnya.

Tabel 3. Nilai heterozigositas pengamatan (H_o) dan heterozigositas harapan (H_e) fragmen gen GHR|AluI sapi FH betina dan pejantan

Lokasi	N	H_o	H_e
BPPT SP Cikole	88	0,42	0,42
Cilumber	98	0,33	0,35
Pasir Kemis	95	0,43	0,39
BET Cipelang	40	0,20	0,35
BIB Lembang	17	0,12	0,29
BBIB Singosari	32	0,13	0,31

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan bahwa pada lokus GHR|AluI ditemukan dua alel yaitu A dan G dengan tiga genotipe yaitu AA, AG dan GG. Frekuensi alel A (0,70-0,82) lebih tinggi dari alel G (0,18-0,30). Pengujian nilai χ^2 dan derajat heterozigositas mengindikasikan bahwa intensitas seleksi yang dilakukan pada kelompok populasi BET Cipelang, BIB Lembang dan BBIB Singosari relatif lebih tinggi dari kelompok populasi BBPT Cikole, Cilumber dan Pasir Kemis. Nilai heterozigositas pengamatan lokus GHR|AluI berada pada kisaran 0,11-0,43. Hasil uji *chi square* terhadap genotipe lokus GHR|AluI menunjukkan bahwa frekuensi genotipe gen GHR dalam keadaan seimbang (keseimbangan Hardy

Weinberg) pada populasi BPPT Cikole, Cilumber dan Pasir Kemis dengan nilai sebaliknya pada populasi BET Cipelang, BBIB lembang, dan BBIB singosari menyimpang dari keseimbangan Hardy-Weinberg.

UCAPAN TERIMAKASIH

Ucapan terima kasih disampaikan pada Direktorat Jenderal Peternakan Kementerian Pertanian yang telah memberikan izin pengambilan sampel. Terimakasih juga kepada Eryk Andreas atas bantuan secara teknik.

DAFTAR PUSTAKA

- ANDREAS, E., C. SUMANTRI, A. FARAJALLAH, H. NURAENI and A. ANGGRAENI. 2010. Identification of GH|*AluI* and GHR|*AluI* genes polymorphism in Indonesian buffalo. *J. Indones. Trop. Anim. Agric.* 35: 215-221.
- BALOGH, A., K. KOVACS, M. KULCSA, A. GASPARDY, A. ZSOLNAI, L. KATAI, A. PECSI, L. FESUS, W.R. BUTLER and G.Y. HUSZENICZA. 2009. Interrelationship of growth hormone *AluI* polymorphism and hyperketonemia with plasma hormones and metabolites in the beginning of lactation in dairy cows. *Livest. Sci.* 71: 553-559.
- DI STASIO, L., A. BRUGIAPAGLIA, G. DESTEFANIS, A. ALBERA and S. SARTORE. 2005. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationship with meat production and quality. *Anim. Genet.* 36: 138-140.
- GE, W., M.E. DAVIS, H.C. HINES and K.M. IRVIN. 2000. Rapid communication: Single nucleotide polymorphisms detected in exon 10 of the bovine growth hormone receptor gene. *J. Anim. Sci.* 78: 22, 29-30.
- HARTL, D.L. and A.G. CLARK. 1997. Principle of Population Genetic. Sinauer Associates, Inc Publisher. Sunderland.
- KOVACS, K. 2006. *AluI* polymorphism of bovine growth hormone and growth hormone receptor genes in Hungarian Holstein Friesian bull dam population. PhD Theses. Szent Istvan University.
- MOILOI, B., F. NAPOLINTO and G. CATALILO. 2004. Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana and Podolica Cattle Breeds. *J. Hered.* 95: 250-256.
- MUHAMMADABADI, M.R., A. TORABI, M. TAHMOURESPOOR, A. BAGHIZADEH, A. ESMAILZADEH, KOSHKOEI and A. MOHAMMADI. 2010. Analysis of bovine growth hormone gene polymorphism of local and Holstein cattle breeds in Kerman province of Iran using polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). *Afr. J. Biotechnol.* 9: 6848-6852.
- NEI, M. and S. KUMAR. 2000. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York.
- OLENSKI, K., T. SUCHOCKI and S. KAMIŃSKI. 2010. Inconsistency of association between growth hormone receptor gene polymorphism and milk performance traits in polish Holstein-Friesian cows and bulls. *Anim. Sci. Papers Reports.* 28: 229-234.
- SAMBROOK, J., E.F. FRITSCH and T. MANIATIS. 1989. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. CSH Laboratory Press, United State of America.
- SUMANTRI, C., D. HERDIANA, A. FARAJALLAH dan D. RAHMAT. 2009. Keragaman gen Pituitary-Specific Transcription Factor-1 Lokus Pit-1-HinfI dan pengaruhnya terhadap bobot tubuh induk, dan produksi susu pada domba lokal. *JITV* 14: 222-229.
- VASCONCELLOS, L.P.M.K., D.T. TALHARI, A.P. PEREIRA, L.L. COUTINHO and L.C.A. REGITANO. 2003. Genetic characterization of Arberdeen Angus cattle using molecular markers. *J. Genet. Mol. Biol.* 26: 133-137.