



GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY (GWAS) PADA STRUKTUR POPULASI DAN SIFAT PERTUMBUHAN SAPI POTONG LOKAL INDONESIA

WIDYA PINTAKA BAYU PUTRA



**ILMU PRODUKSI DAN TEKNOLOGI PETERNAKAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi dengan judul “*Genome-wide Association Study (GWAS) pada Struktur Populasi dan Sifat Pertumbuhan Sapi Potong Lokal Indonesia*” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir disertasi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Juli 2024

Widya Pintaka Bayu Putra
D1601201001

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



RINGKASAN

WIDYA PINTAKA BAYU PUTRA. *Genome-wide Association Study (GWAS)* pada Struktur Populasi dan Sifat Pertumbuhan Sapi Potong Lokal Indonesia. Dibimbing oleh RONNY RACHMAN NOOR, CECE SUMANTRI, ENDANG TRI MARGAWATI dan HARTATI.

Genome-wide Association Study (GWAS) merupakan metode seleksi ternak secara molekuler yang dapat mendeteksi titik mutasi atau *single nucleotide polymorphism (SNP)* yang tersebar di seluruh autosom. Akan tetapi, penerapan metode *GWAS* untuk seleksi ternak di Indonesia masih sangat terbatas. Oleh karena itu, tujuan penelitian ini adalah untuk mengevaluasi karakteristik genom dan mendeteksi kandidat gen-gen pada sifat pertumbuhan sapi potong lokal Indonesia. Sapi potong lokal yang digunakan pada penelitian ini terdiri dari sapi Bali (16 ekor), Madura (16 ekor), Peranakan Ongole (33 ekor) dan Sumba Ongole (48 ekor). Sebanyak 44.424 titik mutasi (*SNP marker*) pada autosom sapi digunakan untuk analisis dan diperoleh dari *Bovine SNP50K BeadChip*. Perangkat lunak *TASSEL 5.0*, *PLINK 1.9* dan *R 4.3.3* digunakan untuk analisis bioinformatika. Hasil analisis *GWAS* pada sapi Bali diperoleh informasi keragaman genetik yang rendah. Sedangkan pada sapi Madura, Peranakan Ongole (PO) dan Sumba Ongole (SO) diperoleh informasi keragaman genetik yang moderat. Pada umumnya panjang segmen homozygot pada sapi yang diteliti termasuk pendek (1-4 Mb) dengan nilai *genomic inbreeding coefficient* (F_{ROH}) sebesar 0,02 (Bali); 0,20 (SO) dan $\pm 0,50$ (Madura dan PO). Pada sapi Bali dan SO terdapat adanya tanda-tanda seleksi (*selection signatures*) dengan ditemukannya minimal 33 kandidat gen pada sapi Bali dan 14 kandidat gen pada sapi SO yang mempengaruhi produktivitas dan *survivability* ternak. Analisis *GWAS* pada penelitian ini memperkuat hasil penelitian sebelumnya dimana sapi Bali, Madura dan Ongole *lineage* (PO dan SO) merupakan tiga bangsa sapi berbeda dengan kelompok klaster yang saling terpisah. Sapi Madura terkonfirmasi memiliki introgresi genetik sapi *Bos javanicus* dan *Bos indicus* berdasarkan keragaman genom. Selain itu, sebagian besar sapi PO pada penelitian ini memiliki introgresi genetik sapi Madura.

Hasil analisis *GWAS* pada sifat pertumbuhan telah ditemukan adanya tiga kandidat gen yang berpengaruh signifikan terhadap berat dewasa pada sapi Madura dan PO yaitu gen *SUGT1* (g.1632H), *SF3A3* (g.1172R) dan *DSCAM* (g.285245Y). Selain itu, ditemukan juga 1 kandidat gen yang berpengaruh signifikan terhadap index morfostruktur (*body ratio* dan *over increase index*) pada populasi sapi yang diteliti (Bali, Madura, PO) saat berumur 3 tahun yaitu gen *CRY1* (g.78617S). Hasil sekuensing menggunakan desain primer diperoleh informasi titik mutasi lain pada gen *SUGT1* (g.1534Y; g.1580Y), *SF3A3* (g.1017M; g.1292W) dan *DSCAM* (g.285295R) namun perlu dikonfirmasi lebih lanjut pengaruh titik mutasi tersebut terhadap sifat pertumbuhan pada sapi. Disimpulkan bahwa gen *SUGT1*, *SF3A3* dan *DSCAM* merupakan gen-gen yang saling terkait dan berpengaruh terhadap pertumbuhan dan kemampuan daya adaptasi (*survival-related genes*) pada lingkungan tropis.

Kata kunci: *GWAS*, kandidat gen, sapi, sifat pertumbuhan, keragaman genetik

SUMMARY

WIDYA PINTAKA BAYU PUTRA. Genome-wide Association Study (GWAS) for Population Structure and Growth Traits of Indonesian Local Beef Cattle. Supervised by RONNY RACHMAN NOOR, CECE SUMANTRI, ENDANG TRI MARGAWATI and HARTATI.

Genome-wide association study (GWAS) is a livestock molecular selection method that able to detect mutation sites or single nucleotide polymorphism (SNP) on the autosomal regions. Unfortunately, the application of GWAS for livestock in Indonesia is limited. Hence, this study was aimed to evaluate the genome characteristics and detecting the candidate genes of growth traits in Indonesian local beef cattle. The GWAS in Bali cattle reveals the low genetic diversity. At the same time, GWAS in Madura, Ongole grade (PO) and Sumba Ongole (SO) reveal moderate genetic diversity. Commonly, the animals under study had the low homozygote segment (1-4 Mb) with the genomic inbreeding coefficient (F_{ROH}) of 0.02 (Bali), 0.20 (SO) and ± 0.50 (Madura and PO). The selection signature was observed in Bali and SO cattle with the presence of 33 and 14 candidate genes that influence the productivity and survivability of animals, respectively. The results analysis by GWAS supports the previous studies that show that Bali, Madura and Ongole lineage (PO and SO) cattle are different breeds with separated cluster. The genetic introgression of *Bos javanicus* and *Bos indicus* was confirmed on Madura cattle. Despite this, most of the PO cattle in the present study had the genetic introgression of Madura cattle.

GWAS for the growth traits has identified three candidate genes for the mature weight of Madura and PO cattle: SUGT1 (g.1632H), SF3A3 (g.1172R) and DSCAM (g.285245Y). These genes, which are related to productivity and adaptability in the tropical environment, hold significant potential for further research. A mutation site of g.78617S was also found in CRY1 gene, which is associated with the body ratio and the over increase index of cattle population (Bali, Madura, PO) at 3 years of age. The sequencing results with a designed primer reveal other mutation sites in the SUGT1 (g.1534Y; g.1580Y), SF3A3 (g.1017M; g.1292W) and DSCAM (g.285295R) genes but their effect on growth traits must be confirmed in the future. These findings open up exciting possibilities for further understanding and manipulating cattle growth traits.

Keywords: candidate genes, cattle, genetic diversity, growth traits, GWAS

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2024
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.

GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY (GWAS) PADA STRUKTUR POPULASI DAN SIFAT PERTUMBUHAN SAPI POTONG LOKAL INDONESIA

WIDYA PINTAKA BAYU PUTRA

Disertasi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Doktor pada
Program Studi Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan

**ILMU PRODUKSI DAN TEKNOLOGI PETERNAKAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



@Hak cipta milik IPB University

Penguji Luar Komisi Pembimbing pada Ujian Tertutup Disertasi:

- 1 Prof. Dr. Jakaria, S.Pt., M.Si.
- 2 Dr. Ir. Eko Handiwirawan, M.Si.

Promotor Luar Komisi Pembimbing pada Sidang Promosi Terbuka Disertasi:

- 1 Prof. Dr. Jakaria, S.Pt., M.Si.
- 2 Dr. Ir. Eko Handiwirawan, M.Si.

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



Judul Tesis : *Genome-wide Association Study (GWAS)* pada Struktur Populasi dan Sifat Pertumbuhan Sapi Potong Lokal Indonesia
Nama : Widya Pintaka Bayu Putra
NIM : D1601201001

@Hak cipta milik IPB University

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Ir. Ronny Rachman Noor, M.Rur.Sc.

Pembimbing 2:
Prof. Dr. Ir. Cece Sumantri, M.Sc.

Pembimbing 3:
Prof. Dr. Endang Tri Margawati, M.Agr.Sc.

Pembimbing 4:
Dr. Hartati, S.Pt., M.Sc.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Ir. Cece Sumantri, M.Sc.
NIP. 195912121986031004

Dekan Fakultas Peternakan:
Dr. Ir. Idat Galih Permana, M.Sc.Agr.
NIP. 196705061991031001

Tanggal Ujian Tertutup: 20 Juni 2024
Tanggal Ujian Terbuka: 11 Juli 2024

Tanggal Lulus:

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PRAKATA

Puji syukur penulis panjatkan ke hadirat Allah subhanahu wa ta'ala atas segala rahmat dan karunia-Nya dan sholawat serta salam kepada Nabi Muhammad shalallahu 'alaihi wasalam sehingga penulis dapat menyelesaikan penelitian untuk disertasi yang berjudul "*Genome-wide Association Study (GWAS)* pada Struktur Populasi dan Sifat Pertumbuhan Sapi Potong Lokal Indonesia" sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar doctoral di Fakultas Peternakan IPB.

Keberhasilan pelaksanaan penelitian dan penyusunan disertasi ini tidak terlepas dari peran berbagai pihak, penulis menyampaikan terima kasih kepada Prof. Dr. Ir. Ronny Rachman Noor, M.Rur.Sc. sebagai pembimbing utama dan Prof. Dr. Cece Sumantri., M.Sc., Prof. Dr. Endang Tri Margawati, M.Agr.Sc. dan Dr. Hartati, S.Pt., M.Sc. sebagai pembimbing anggota yang telah banyak memberikan pengarahan, bimbingan, serta saran dan komentar pada penulis dalam menyusun disertasi ini. Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada penguji luar komisi Prof. Dr. Jakaria, M.Si. dan Dr. Ir. Eko Handiwirawan, M.Si. atas komentar dan masukannya dalam penyempurnaan naskah dan ide disertasi saya.

Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada Redi Aditama, M.Si. yang banyak membantu dalam analisis biokomputasi pada analisis *GWAS* serta Muhammad Gitar Ramadhan S.Pt. dan Muhammad Aulia Reza, S.Pt. yang telah membantu pada penelitian di laboratorium. Selain itu, ucapan terima kasih penulis sampaikan kepada rekan-rekan mahasiswa S3 ITP antara lain Tulus Maulana, S.Pt., M.Si., Ir. Jonathan Anugrah Lase, S.Pt., M.Si., IPM, Muhammad Fathul Amin, S.Pt., M.Pt., Pajri Anwar, S.Pt., M.Si., Panca Andreas Hendrawan, S.Pt., M.Si., Ahmad Saleh Harahap, S.Pt., M.Si., Wahyuni, S.Pt., M.Si. dan Komarudin, S.Pt., M.Sc. yang selalu memberikan semangat selama menyusun disertasi. Penulis menyampaikan terima kasih kepada keluarga besar ABGSCi dan Pusat Riset Zoologi Terapan – BRIN sebagai teman, keluarga, dan rekan penelitian atas kerja sama dan dukungan moril dalam pelaksanaan penelitian dan penyusunan disertasi.

Terima kasih kepada Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) atas beasiswa *Degree by Research (DbR)* dalam bantuan biaya pendidikan dan biaya penelitian selama menempuh perkuliahan di Pascasarjana IPB. Kepada Dr. Hartati S.Pt., M.Sc. sekali lagi penulis mengucapkan terima kasih atas kesediaan dan kerja samanya dalam menyediakan data *GWAS* dari tahun 2018 yang belum terolah untuk digunakan dalam disertasi ini. Penulis juga menyampaikan terima kasih banyak kepada istri tercinta Ellok Ekaria Safitri S.ST., Bd. dan kedua buah hati tercinta Widyadhana Eka Adibrata dan Widyana Dwi Atmaja yang tulus menyayangi, memotivasi dan mendukung penulis selama menempuh sekolah pascasarjana di IPB. Penulis sampaikan permohonan maaf atas segala kekurangan dalam penyusunan disertasi ini. Semoga disertasi ini bermanfaat bagi pembaca sekalian.

Bogor, Juli 2024

Widya Pintaka Bayu Putra

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	x
DAFTAR GAMBAR	x
DAFTAR LAMPIRAN	xi
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Perumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	3
1.5 Ruang Lingkup Penelitian	3
1.6 Kebaharuan (<i>Novelty</i>)	4
II METODE	5
2.1 Analisis Bioinformatika	5
2.2 Gene Mapping	7
2.3 Desain Primer Untuk Kandidat Gen	8
III HASIL DAN PEMBAHASAN	9
3.1 Karakterisasi Genetik	9
3.2 <i>Runs of Homozygosity</i> (ROH)	13
3.3 Deteksi Kandidat Gen	21
3.4 Desain Primer Pada Kandidat Gen	30
IV PEMBAHASAN UMUM	36
V SIMPULAN DAN SARAN	40
5.1 Simpulan	40
5.2 Saran	40
DAFTAR PUSTAKA	41
LAMPIRAN	51
RIWAYAT HIDUP	60



1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR TABEL

3.1	Karakteristik genom pada sapi lokal Indonesia	9
3.2	Distribusi tipe mutasi pada genom sapi lokal Indonesia	10
3.3	Nilai jarak genetik (F_{st}) terkecil (bawah diagonal) dan terbesar (atas diagonal) pada sapi lokal Indonesia berdasarkan 156 <i>parentage SNP marker</i>	13
3.4	Profil segmen <i>ROH</i> per individu pada sapi lokal Indonesia	14
3.5	<i>Genomic inbreeding coefficient</i> (F_{ROH}) pada sapi lokal Indonesia	16
3.6	Deteksi kandidat gen pada segmen <i>ROH</i> sapi Bali	21
3.7	Deteksi kandidat gen pada segmen <i>ROH</i> sapi Sumba Ongole	21
3.8	Deteksi kandidat gen pada berat dewasa populasi sapi (Bali, Madura, PO) berdasarkan <i>SNP marker</i> terpilih	23
3.9	Keragaman genetik <i>SNP marker</i> terpilih pada berat dewasa sapi lokal Indonesia	24
3.10	Asosiasi antara genotip pada lokus <i>SNP marker</i> terpilih dengan berat dewasa sapi	25
3.11	Deteksi kandidat gen pada index morfostruktur populasi sapi (Bali, Madura, PO) berdasarkan <i>SNP marker</i> terpilih	28
3.12	Keragaman <i>SNP marker</i> ARS-BFGL-NGS-115374 (SNP1)	28
3.13	Keragaman <i>SNP marker</i> Hapmap28985-BTA-73836 (SNP2)	29
3.14	Asosiasi antara lokus <i>SNP</i> terpilih dengan beberapa parameter index morfostruktur pada populasi sapi	29
3.15	Desain primer untuk kandidat gen pada berat dewasa sapi berdasarkan GWAS	30
3.16	Distribusi genotip pada titik mutasi kandidat gen selain <i>SNP marker</i> terpilih	35
3.17	<i>Genotyping</i> pada titik mutasi g.1534Y dan g.1292W menggunakan teknik <i>PCR-RFLP</i>	35

DAFTAR GAMBAR

1.1	Diagram alir penelitian	4
3.1	Diagram distribusi <i>SNP marker</i> pada autosom sapi	10
3.2	Klaster plot pada sapi lokal Indonesia berdasarkan 53.218 <i>autosomal SNP markers</i>	11
3.3	<i>Genetic admixture</i> pada sapi lokal Indonesia berdasarkan 53.218 <i>autosomal SNP marker</i>	12
3.4	<i>Neighbor-joining (NJ) tree</i> pada sapi lokal Indonesia berdasarkan 44.424 <i>autosomal SNP marker</i>	13
3.5	Distribusi segmen <i>ROH</i> pada autosom sapi lokal Indonesia	15

3.6	Grafik Manhattan plot pada segmen <i>ROH</i> sapi lokal Indonesia	18
3.7	Distribusi segmen <i>ROH</i> pada BTA6 dan BTA18 sapi Bali	19
3.8	Distribusi segmen <i>ROH</i> pada BTA1, BTA6 dan BTA14 sapi SO	20
3.9	Q-Q plot pada berat dewasa populasi sapi (Bali, Madura, PO)	22
3.10	Deteksi <i>SNP marker</i> potensial pada Manhattan plot populasi sapi (Bali, Madura, PO)	22
3.11	Skema interaksi antar kandidat gen (bintang) dengan gen lainnya	25
3.12	Q-Q plot populasi pada index morfostruktur sampel (Bali, Madura, PO)	26
3.13	Deteksi <i>SNP marker</i> potensial pada Manhattan plot populasi sampel (Bali, Madura, PO) pada <i>area index (AI)</i> , <i>body ratio (BR)</i> dan <i>over increase index (OII)</i>	27
3.14	Target sekuen gen <i>bovine SUGT1</i> (intron 1) sepanjang 453 bp	31
3.15	Target sekuen gen <i>bovine SF3A3</i> (intron 2) sepanjang 633 bp	31
3.16	Target sekuen gen <i>bovine DSCAM</i> (intron 23) sepanjang 479 bp	31
3.17	Amplifikasi gen <i>bovine SUGT1</i>	32
3.18	Amplifikasi gen <i>bovine SF3A3</i>	32
3.19	Amplifikasi gen <i>bovine DSCAM</i>	32
3.20	Alignment gen <i>bovine SUGT1</i>	32
3.21	Alignment gen <i>bovine SF3A3</i>	33
3.22	Alignment gen <i>bovine DSCAM</i>	33
3.23	Deteksi dua titik mutasi pada gen <i>SUGT1</i> sapi Bali dan PO diposisi g.1534Y dan g.1580Y	34
3.24	Deteksi dua titik mutasi pada gen <i>SF3A3</i> sapi Madura diposisi g.1017M (rs383788233) dan g.1292W (rs473122879)	34
3.25	Deteksi satu titik mutasi pada gen <i>DSCAM</i> sapi Bali diposisi g.285295R	34
4.1	Skema penerapan analisis <i>GWAS</i> pada sapi potong	39

DAFTAR LAMPIRAN

1	Ethical clearence penelitian	52
2	Ciri fenotip sapi Bali, Madura, Peranakan Ongole dan Sumba Ongole	53
3	Peta lokasi Loka Penelitian Sapi Potong Grati dan RPH Kota Bogor	54
4	<i>Gene mapping</i> pada <i>SNP marker</i> ARS-BFGL-NGS-114401	55
5.	<i>Gene mapping</i> pada <i>SNP marker</i> ARS-BFGL-NGS-43764	56
6	<i>Gene mapping</i> pada <i>SNP marker</i> ARS-BFGL-NGS-39460	57
7	<i>Gene mapping</i> pada <i>SNP marker</i> Hapmap28985-BTA-73836	58
8	Uji normalitas pada berat badan populasi sapi (Bali, Madura, PO)	59