

ANALISIS FILOGENETIK SAPI PERANAKAN ONGOLE MENGUNAKAN MARKA GENOM MITOKONDRIA Lengkap

DALILAH RAMADHANI



**ILMU PRODUKSI DAN TEKNOLOGI PETERNAKAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



- 

PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Analisis Filogenetik Sapi Peranakan Ongole Menggunakan Marka Genom Mitokondria Lengkap” 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 tesis ini.

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

Bogor, Agustus 2026

Dalilah Ramadhani
D1501251040

- 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.



— Bogor Indonesia —

IPB University

RINGKASAN

DALILAH RAMADHANI. Analisis Filogenetik Sapi Peranakan Ongole Menggunakan Marka Genom Mitokondria. Dibimbing oleh JAKARIA dan RONNY R. NOOR.

Sapi peranakan ongole (PO) merupakan salah satu rumpun sapi lokal Indonesia yang memiliki peran penting sebagai sumber daya genetik ternak. Keterbatasan informasi mengenai genom mitokondria pada rumpun ini menunjukkan perlunya penelitian lebih lanjut sebagai dasar untuk mendukung program pemuliaan di masa mendatang. Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi genom mitokondria sapi PO dan mengonstruksi pohon filogenetik menggunakan sekuens genom mitokondria lengkap dan parsial.

Proses ekstraksi DNA dan PCR dilakukan di Gedung Genomik BRIN, Cibinong, Bogor, Jawa Barat. Selain itu, sekuensing produk PCR dilakukan di PT Genomik Solidaritas Indonesia (GSI), Jakarta Selatan. Sampel darah berasal dari sapi pejantan PO di BBIB Singosari, Malang, Jawa Timur, Indonesia. DNA diekstraksi menggunakan Quick-DNA HMW MagBead Kit (Zymo Research, USA), kemudian diamplifikasi menggunakan dua pasang primer forward dan reverse dengan panjang produk 9,064 dan 9,222 bp berdasarkan referensi *Bos javanicus* CERZA. Proses sekuensing dilakukan menggunakan teknologi Oxford Nanopore. Analisis filogenetik dilakukan menggunakan genom mitokondria lengkap dan parsial, yaitu D-loop, Cyt-b, COX1, ND5, dan 16S rRNA.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa genom mitokondria lengkap sapi PO memiliki panjang 16.562 pasangan basa (bp) terdiri atas 13 gen penyandi protein, 22 gen tRNA, 2 gen rRNA, dan D-loop. Hasil analisis pohon filogenetik berdasarkan total genom mtDNA menunjukkan bahwa sapi PO membentuk klad yang berdekatan dengan klad *Bos javanicus* CERZA (JN632606.1) dan sapi bali (PQ130485.1).

Penelitian ini menunjukkan bahwa penanda DNA mitokondria parsial mampu menghasilkan topologi pohon filogenetik yang serupa dengan genom mitokondria lengkap, namun nilai bootstrap yang dihasilkan dari penanda parsial cenderung lebih rendah. Hal ini menunjukkan bahwa penggunaan genom mitokondria lengkap tetap lebih unggul dan memberikan akurasi yang lebih tinggi.

Kata kunci: analisis filogenetik, genom mitokondria, sapi peranakan ongole



SUMMARY

DALILAH RAMADHANI. Phylogenetic Analysis of Ongole Grade Cattle Using Complete and Partial Mitochondrial Genome Markers. Supervised by JAKARIA and RONNY R. NOOR.

Ongole grade (PO) cattle are a native Indonesian breed and a vital component of the country's livestock genetic heritage. The scarcity of mitochondrial genome data for this breed underscores the need for further research to inform future breeding programs. This study examined the mitochondrial genome of Ongole grade (PO) cattle and constructed a phylogenetic tree using both complete and partial sequences.

The DNA extraction and PCR processes were conducted at the BRIN Genomics Building in Cibinong, Bogor, West Java. In addition, sequencing of the PCR products was performed at PT Genomik Solidaritas Indonesia (GSI) in South Jakarta. Blood samples from five PO bulls at the Singosari Cattle Breeding Center (BBIB), Malang, East Java, Indonesia, were analyzed. DNA was extracted using the Quick-DNA HMW Magbead Kit (Zymo Research, USA), and two primer pairs yielded fragments of 9,064 and 9,222 bp based on the *Bos javanicus* CERZA reference. Sequencing was performed using Oxford Nanopore technology. The phylogenetic analysis included full-length and specific mitochondrial regions D-loop, Cyt-b, COX1, ND5, and 16S rRNA.

The complete mitochondrial genome was 16,562 base pairs long and encoded 13 protein-coding genes, 22 tRNA genes, and the D-Loop control region. Phylogenetic trees constructed from both full and partial genomes showed consistent relationships, indicating that PO cattle are closely related to *Bos javanicus* CERZA (JN632606.1) and bali cattle (PQ130485.1).

The study suggested that partial mitochondrial DNA markers could produce phylogenetic trees comparable to those from complete genomes, although bootstrap support was lower with partial data, highlighting the greater resolution provided by full mitochondrial sequences.

Keywords: mitochondrial genome, ongole grade cattle, phylogenetic analysis



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 2026
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.



ANALISIS FILOGENETIK SAPI PERANAKAN ONGOLE MENGUNAKAN MARKA GENOM MITOKONDRIA LENGKAP

DALILAH RAMADHANI

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister pada
Program Studi Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan

**PROGRAM STUDI ILMU PRODUKSI DAN TEKNOLOGI PETERNAKAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@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.

Judul Tesis : Analisis Filogenetik Sapi Peranakan Ongole Menggunakan Marka
Genom Mitokondria Lengkap
Nama : Dalilah Ramadhani
NIM : D1501251040

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Jakaria, S.Pt., M.Si.

Pembimbing 2:
Prof. Dr. Ir. Ronny R. Noor, M.Rur.Sc.



Diketahui oleh

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

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




Tanggal Ujian: 10 Agustus 2026

Tanggal Lulus:



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Tuhan Yang Maha Esa atas segala karunia-Nya sehingga tesis ini berhasil diselesaikan. Judul dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Desember 2025 sampai bulan Januari 2026 ini ialah Analisis Filogenetik Sapi Peranakan Ongole Menggunakan Marka Genom Mitokondria Lengkap.

Terima kasih penulis ucapkan kepada para pembimbing, Prof. Dr. Jakaria, S.Pt. M.Si., dan Prof. Dr. Ir. Ronny R. Noor, M.Rur.Sc. yang telah membimbing dan banyak memberi saran. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada pembimbing akademik, moderator seminar, dan penguji luar komisi pembimbing.

Penghargaan penulis sampaikan kepada Pak Saiful Anwar, S.Pt. M.Si., Kak Yayi Gamma Mari Bonawati, S.Pt., Kak Shelvi, S.Si. dan staf Laboratorium Genetika Molekuler serta komunitas ABGSci Fakultas Peternakan IPB University yang telah membantu selama pengumpulan data. Ungkapan terima kasih juga disampaikan kepada Ayah (Dedi Mulyana), Ibu (Cuyustina), dan kakak (Dian Yusdini, Tina Lutviana, dan Alwan Maulana) yang telah memberikan dukungan, doa, dan kasih sayang.

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Nailah Khairunnisa, yang telah membantu selama proses penelitian dan memberikan semangat serta dukungan. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada Neha, Aidah, Khofifatuzzahro, Saskia, Vivi, Fya, Aqila, Syifa, Bapak Budiman, dan Bunda Lya yang telah memberikan doa, semangat, dan kasih sayang, serta kepada teman-teman selama kuliah pascasarjana. Terima kasih juga disampaikan kepada pihak-pihak lain yang tidak dapat penulis sebutkan satu per satu, yang telah memberikan dukungan, doa, dan bantuan sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini dengan baik. Semoga tugas akhir ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Agustus 2026

Dalilah Ramadhani



@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.

DAFTAR ISI

DAFTAR ISI	xiii
DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
II METODE	3
2.1 Waktu dan Tempat Penelitian	3
2.2 Alat dan Bahan	3
2.3 Prosedur Kerja	3
2.3.1 Ekstraksi DNA	3
2.3.2 Analisis PCR dan Sekuensing	3
2.4 Analisis Data	4
III HASIL DAN PEMBAHASAN	5
3.1 Struktur dan Karakteristik Total Genom mtDNA	5
3.2 Komposisi AT-Skew dan GC-Skew	7
3.3 Struktur Sekunder tRNA	8
3.4 Rekontruksi Filogenetik Sapi PO	9
IV SIMPULAN DAN SARAN	11
4.1 Simpulan	11
4.2 Saran	11
DAFTAR PUSTAKA	12
LAMPIRAN	15
RIWAYAT HIDUP	17



DAFTAR TABEL

1	Struktur dan karakteristik total mtDNA sapi PO	6
2	Komposisi nukleotida genom mitokondria sapi PO serta AT-skewness dan GC-skewness 13 gen pengkode protein (PCGs)	7
3	Perbandingan panjang genom mitokondria total dan mitokondria parsial pada sapi PO dan beberapa bangsa sapi dari <i>GenBank</i>	9

DAFTAR GAMBAR

1	Struktur genom mitokondria lengkap pada sapi PO	5
2	Grafik AT-skewness dan GC-skewness 13 gen pengkode protein (PCGs)	7
3	Struktur sekunder dari 22 gen tRNA pada sapi PO	8
4	Rekonstruksi pohon filogenetik PO. (a) marka genom mtDNA lengkap (b) marka D-loop (c) marka gen Cyt-b, (d) marka gen COX1, (e) marka gen ND5, (f) dan marka gen 16S rRNA.	10

DAFTAR LAMPIRAN

1	Sekuen lengkap genome mitokondria beberapa bangsa sapi dari	16
2	Lokasi pengambilan sampel darah sapi PO untuk analisis genom mitokondria lengkap	16