

HUBUNGAN POLIMORFISME GEN HORMON PERTUMBUHAN *MspI* DENGAN BOBOT BADAN DAN UKURAN TUBUH SAPI PESISIR SUMATERA BARAT
[*The Relationship of *MspI* Growth Hormone Gene Polymorphism and Body Weight and Body Measurements of West Sumatera Pesisir Cattle*]

Jakaria, D. Duryadi*, R.R. Noor, B. Tappa, dan H. Martojo**

Fakultas Peternakan Institut Pertanian Bogor, Bogor

**Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Institut Pertanian Bogor, Bogor*

***Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia, Jakarta*

Received December 1, 2006; Accepted February 28, 2007

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan polimorfisme gen hormon pertumbuhan (GH) *MspI* dengan bobot badan dan ukuran tubuh pada sapi Pesisir Sumatera Barat. Sebanyak 123 individu sapi Pesisir yang berasal dari kabupaten Pesisir Selatan (91 individu) dan kabupaten Padang Pariaman (32 individu) dianalisis. Frekuensi genotipe gen GH *MspI* didapatkan masing-masing 0.05, 0.30 dan 0.65 untuk genotipe CC, CT dan TT, sedangkan frekuensi alel C dan T masing-masing 0.2 dan 0.8 dengan nilai PIC 0.267. Hasil uji *t* antara genotipe CC, CT dan TT terhadap peubah yang diamati seperti sifat bobot badan, panjang badan, lingkaran dada dan tinggi pundak tidak berbeda nyata. Hasil penelitian ini mengindikasikan bahwa polimorfisme gen GH *MspI* belum dapat digunakan sebagai penciri genetik untuk sifat bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh pada sapi Pesisir Sumatera Barat.

Kata kunci : sapi Pesisir, gen GH, polimorfisme, bobot badan, ukuran tubuh

ABSTRACT

This study was aimed to study the relationship of *MspI* growth hormone (GH) gene and body weight and body measurements of West Sumatera Pesisir cattle. A total of 123 Pesisir cattle, originated from Pesisir Selatan (91 heads) and Padang Pariaman district (32 heads) was analyzed. The results showed that the frequency of CC, CT and TT genotype were 0.05, 0.30 and 0.65 respectively. The allele frequency of C and T were 0.2 and 0.8 respectively and the PIC value was 0.267. The results of *t* test among genotype showed that the *MspI* growth hormone polymorphism did not significantly affect the body weight and body measurements. It was concluded that the *MspI* polymorphism could not yet be used as a marker for body weight and body measurement of Pesisir cattle.

Keywords : Pesisir cattle, GH gene, polymorphism, body weight, body measurements

PENDAHULUAN

Keberhasilan pemanfaatan penciri molekuler genetik dalam pemuliaan ternak khususnya merupakan upaya penting agar program seleksi dapat dilakukan secara lebih tepat (*precise*) dan efisien, terutama kemungkinan aplikasinya untuk ternak-ternak lokal seperti sapi Pesisir Sumatera Barat yang termasuk ke dalam kategori sapi terkecil ke dua di dunia (Sarbaning, 2004). Bangsa sapi Pesisir yang

terdapat di Sumatera Barat merupakan salah satu sumberdaya genetik ternak lokal yang perlu dipertahankan dan dikembangkan keberadaannya. Disamping itu, sumbangan produksi daging sapi Pesisir terhadap kebutuhan daging di dalam maupun di luar Sumatera Barat cukup besar (Statistik Peternakan Sumatera Barat, 2002).

Penciri genetik (*genetic marker*) untuk sifat-sifat *marbling*, keempukan daging (*tenderness*) dan efisiensi pakan pada ternak sapi pedaging telah

diproduksi sebagai alat seleksi genetik (Enennaam, 2006). Beberapa penciri genetik lain yang dianggap berpotensi digunakan adalah hormon pertumbuhan (GH) yang merupakan salah satu gen kandidat (*candidate gene*) (Unanian *et al.*, 2000) yang dicari untuk menduga penampilan produksi karena berhubungan dengan lokus-lokus penyandi (Dybus *et al.*, 2002). Selain itu, GH dipertimbangkan sebagai gen kandidat berguna sebagai penciri produksi susu dan daging karena fungsinya yang mengatur metabolisme *galactopoietic* dan proses pertumbuhan (Høj *et al.*, 1993).

Hormon pertumbuhan yang dihasilkan di kelenjar hipofisa depan (anterior) memiliki beberapa aktivitas fisiologi seperti mengatur pertumbuhan, laktasi dan perkembangan kelenjar susu, *gluconeogenesis*, aktivasi lipolisis dan memicu inkorporasi asam amino dalam protein otot (Burton *et al.*, 1994). Hormon pertumbuhan yang disandi oleh gen GH pada sapi *Bos taurus* memiliki panjang 2856 bp dengan daerah *coding* 1826 bp yang terdiri atas lima *exon* dan empat *intron* (Woychick *et al.*, 1982; Gordon *et al.*, 1983) yang terletak di kromosom 19 di daerah q26-qter (Hediger *et al.*, 1990). Beberapa polimorfisme telah ditemukan pada gen hormon pertumbuhan sapi terutama pada *intron 3* (Zhang *et al.*, 1993).

Studi mendalam mengenai molekuler genetik terkait dengan polimorfisme gen GH dan hubungannya dengan sifat produksi pada sapi pedaging seperti bobot badan hidup, pertumbuhan dan kualitas karkas secara intensif telah dilakukan (Reis *et al.*, 2001; Ge *et al.*, 2001; Oprzadek *et al.*, 2003; Garcia *et al.*, 2003; Beauchemin *et al.*, 2006). Berdasarkan studi tersebut, Beauchemin *et al.* (2006) menyatakan bahwa GH adalah gen kandidat untuk program seleksi dengan memanfaatkan penciri (*Marker Assisted Selection*) pada sapi pedaging khususnya. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui hubungan polimorfisme gen hormon pertumbuhan (GH) *MspI* (*intron 3* – *exon 4*) dengan sifat bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh.

MATERI DAN METODE

Tempat dan Waktu

Penelitian lapang terutama untuk mengumpulkan data sifat kuantitatif dan sampel darah sapi Pesisir dilakukan di kabupaten Pesisir Selatan dan Padang Pariaman Sumatera Barat (Sarbaini, 2004). Analisis

DNA dilaksanakan di Laboratorium Biologi Molekuler, Pusat Studi Ilmu Hayati, LPPM IPB, sejak September 2004 sampai dengan Oktober 2006.

Data Sifat Produksi

Data sifat produksi seperti sifat bobot badan (kg), tinggi pundak (cm), panjang badan (cm) dan lingkaran dada (cm) dikelompokkan menurut bangsa, jenis kelamin dan umur. Pengelompokan umur pada sapi Pesisir didasarkan atas perubahan gigi serinya, sehingga dikelompokkan menjadi kelompok sapi anak (<1,5 tahun), muda (=1,5-<3,0 tahun) dan dewasa (=3,0 tahun) (Sarbaini, 2004). Data sifat produksi kemudian dikoreksi terhadap umur 2,0-2,5 tahun, jenis kelamin betina dan asal ternak dari Kabupaten Pesisir Selatan sebelum dilakukan analisis.

Sampel Darah

Sampel darah sapi Pesisir yang digunakan dalam penelitian ini sebanyak 123 sampel terdiri atas 92 sampel dari kabupaten Pesisir Selatan dan 31 sampel dari Kabupaten Padang Pariaman. Sampel darah tersebut diambil melalui *vena jugularis* menggunakan tabung *venoject* vakum tanpa heparin dan sampel darah tersebut diawetkan menggunakan etanol absolut (Sarbaini, 2004).

Penciri ("Marker")

Amplifikasi gen hormon pertumbuhan (GH) *MspI* pada sapi Pesisir, menggunakan satu set primer yang diketahui bahwa primer tersebut memiliki polimorfisme dengan sekuen *forward* 5'-CCC ACG GGC AAG AAT GAG GC-3' dan *reverse* 5'-TGA GGA ACT GCA GGG GCC CA-3' (Mitra *et al.*, 1995). Fragmen yang dihasilkan dari sekuen primer gen hormon pertumbuhan *MspI* memiliki panjang produk 329 bp yang berada pada posisi *intron 3* dan *exon 4*.

Isolasi DNA (Genom) Total

Sampel darah yang telah diawetkan dengan etanol absolut dilakukan pencucian dengan TE (Tris HCl-EDTA) konsentrasi rendah. Setiap pencucian (setelah penambahan TE) disentrifugasi dengan kecepatan 3000 rpm selama dua menit dan diulang sebanyak 3-5 kali.

Isolasi DNA total dilakukan dengan menggunakan metode Fenol yang dimodifikasi (Sambrook *et al.*, 1989). Darah yang telah dicuci dengan TE konsentrasi

rendah diambil sebanyak 300 ml ditempatkan di dalam tabung *ependorf* 1,5 ml, kemudian ditambah *lysis buffer* (0,32 M sukrosa, 1% v/v triton X-100, 5 mM MgCl₂, 10 mM Tris-HCl pH 7,4) sama dengan volume sampel darah dan digerus sampai halus. Selanjutnya disentrifugasi 6500 rpm selama satu menit dan supernatan dibuang. Tambahkan *rinse buffer* (75 mM NaCl, 50 mM Titriplex III (EDTA) pH 8,0) sebanyak 200 ml, vortex sampai homogen lalu tambahkan *digestion buffer* (SDS 1% v/v, 0,5 mM EDTA pH 8,0, 1M NaCl, 0,5 mM Tris-HCl pH 9,0 dan ditambah 0,1 mg/ml RNase serta 0,5 mg/ml Protease K) sebanyak 500 ml kocok sampai homogen, setelah itu diinkubasi dalam *water bath* suhu 55°C selama semalam (\pm 16 jam).

Setelah inkubasi, ekstraksi dilakukan dengan penambahan Fenol sebanyak 500 ml, lalu dikocok sampai homogen selama 20 menit, kemudian disentrifugasi dengan kecepatan 13000 rpm selama tiga menit. Supernatan dipindahkan ke *ependorf* baru dan ditambahkan kloroform : isoamil-alkohol (24:1) sebanyak 500 ml dan dikocok lagi selama 20 menit, kemudian disentrifugasi 13000 rpm selama tiga menit. Supernatan dipindahkan kembali ke tabung *ependorf* baru dan tambahkan etanol absolut dua kali volume sampel, biarkan sebentar, kemudian disentrifugasi 13000 rpm selama lima menit dan supernatan dibuang, diganti dengan etanol 70%, lalu disentrifugasi kembali 13000 rpm selama lima menit. Larutan etanol 70% dibuang dan pelet (DNA) dikeringkan pada suhu kamar. Setelah kering pelet (DNA) ditambah larutan TE (1 mM EDTA pH 8,0, 10 mM Tris-HCl pH 8,0) sebanyak 100 ml dan diinkubasi suhu 37°C selama 15 menit. Sampel DNA total disimpan di *freezer* (-20°C) dan siap untuk dianalisis selanjutnya.

Amplifikasi Gen GH dan Genotiping

Amplifikasi fragmen gen GH *MspI* menggunakan mesin *polymerase chain reaction* (PCR) Perkin Elmer 2400 dengan kondisi denaturasi, *annealing* dan ekstensi masing-masing 94°C selama 30 detik, 53°C selama 45 detik dan 72°C selama 60 detik yang diulang sebanyak 35 siklus. Bahan pereaksi yang digunakan untuk PCR adalah templet DNA, *buffer* 10x, 10 mM dNTP, 50 mM MgCl₂, primer *Forward* dan *Reverse Polymerase* (Promega PCR Core System I no. cat.M7660).

Penentuan polimorfisme gen GH *MspI* (genotiping) dari produk PCR dipotong dengan menggunakan enzim pemotong (*digestion enzyme*) *MspI* dengan situs pemotong C*CGG selama \pm 16 jam pada suhu 37°C. Adapun komposisi pereaksi pemotongan (*digestion*) terdiri atas H₂O 1,75 ml, *buffer* enzim 0,50 ml, enzim *MspI* 0,25ml dan produk PCR 2,5ml, sehingga total volume adalah 5 ml. Hasil pemotongan (*digested*) fragmen atau produk PCR tersebut, kemudian dimigrasikan pada gel *Agarose* 2% yang diberi *Ethidium Bromide* dengan *buffer* 1xTBE (1 M Tris, 0,9 M Asam Borat, 0,01 M EDTA pH 8,0) dengan piranti *Submarine Electrophoresis* (Hoeffer USA). Hasil elektroforesis diamati dengan bantuan sinar UV (gelombang 200-400 nm).

Analisis Statistik

Frekuensi alel gen hormon pertumbuhan (GH) *MspI* dihitung menggunakan rumus yang disarankan Nei (1987) :

$$x_i = \frac{\left(2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij} \right)}{2n}$$

Keterangan : x_i = frekuensi alel ke-i,
 n_{ii} = jumlah individu bergenotipe A_iA_i ,
 n_{ij} = jumlah individu bergenotipe A_iA_j ,
 n = jumlah total individu.

Tingkat polimorfisme suatu alel dapat ditentukan melalui nilai PIC (*polymorphic informative content*) dengan rumus (Botstein *et al*, 1980) :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

Keterangan :

p_i = frekuensi alel ke-i,
 n = jumlah alel per penciri (marker).

Uji *t* dengan rumus (Mendenhall, 1987) :

$$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{s \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}_1)^2 + \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}_2)^2}{n_1 + n_2 - 2}}$$

Keterangan :

\bar{x}_1 dan \bar{x}_2 = rata-rata genotipe 1 dan 2

n_1 dan n_2 = jumlah individu genotipe 1 dan 2.

Digunakan untuk menganalisis perbedaan rata-rata antara genotipe gen GH *MspI* terhadap sifat bobot badan dan ukuran tubuh (panjang badan, lingkaran dada, tinggi pundak).

Sebelum dilakukan uji *t* antara genotipe dengan sifat bobot badan, panjang badan, lingkaran dada dan tinggi pundak dilakukan koreksi data terhadap umur 2,0-2,5 tahun, jenis kelamin betina dan lokasi Kabupaten Pesisir Selatan dengan rumus :

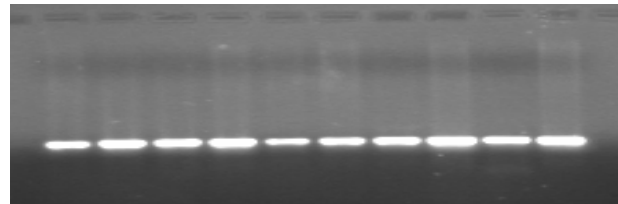
$$X_{i-terkoreksi} = \frac{\bar{X}_{standar}}{\bar{X}_{pengamatan}} \times X_{pengamatan\ ke-i}$$

Koreksi data dilakukan agar pengaruh keragaman yang berasal dari perbedaan umur, jenis kelamin dan lokasi di seragamkan, sehingga hanya perbedaan genotipe yang menjadi sumber keragaman. Adapun prosedur tahapan data terkoreksi (x_i): (1) koreksi pertama dilakukan terhadap umur 2,0-2,5 tahun, semua data umur < 2,0 tahun atau > 2,5 tahun dikoreksi menurut rata-rata umur 2,0-2,5 tahun pada setiap jenis kelamin dan lokasi berbeda, (2) koreksi ke dua dilanjutkan terhadap jenis kelamin betina, semua data jenis kelamin jantan dikoreksi terhadap jenis kelamin betina pada setiap lokasi berbeda dan (3) koreksi ke tiga dilakukan terhadap lokasi di kabupaten Pesisir Selatan, maka semua data di kabupaten Padang Pariaman dikoreksi terhadap lokasi di Kabupaten Pesisir Selatan. Analisis data menggunakan perangkat lunak komputer program *Microsoft Excel 2003*.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi Gen GH *MspI*

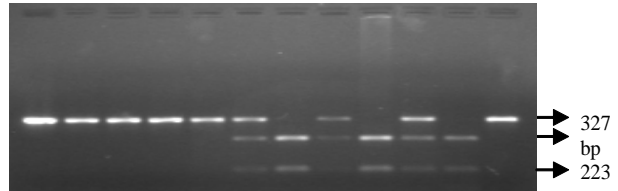
Hasil amplifikasi gen GH *MspI* dengan kondisi *annealing* 53°C selama 45 detik dengan menggunakan mesin PCR Perkin Elmer 2400 diperoleh produk PCR dengan panjang sekitar 327 pasang basa (bp) dengan tampilan yang optimal (Ilustrasi 1). Berbeda dengan yang disarankan oleh Mitra *et al.* (1995) bahwa penempelan (*annealing*) terjadi pada suhu 60°C selama 40 detik. Keberhasilan amplifikasi gen GH *MspI* khususnya sangat ditentukan oleh kondisi penempelan primer pada DNA genom



No. Individu
P200 P210 P202 P203 P204 P205 P206 P207 P208 P209
Ilustrasi 1. Hasil elektroforesis produk PCR gen GH *MspI* pada sapi Pesisir

(gen target), selain faktor-faktor lain seperti bahan pereaksi PCR dan kondisi mesin PCR.

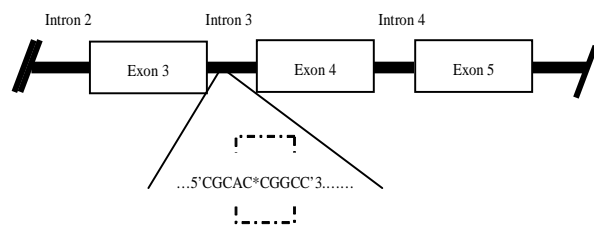
Produk PCR gen GH *MspI* (327 bp) yang telah dipotong dengan enzim *MspI* setelah dielektroforesis menggunakan *agarose* 2% diperoleh hasil bahwa terdapat tiga macam fragmen hasil potongan gen GH pada setiap individu yaitu fragmen yang terpotong (dua pita) dikenal dengan genotipe CC, tidak terpotong (satu pita) genotipe TT dan fragmen gabungan (tiga pita) yang disebut genotipe CT (Ilustrasi 2). Individu sapi Pesisir yang dapat terpotong fragmen gen GH berarti individu tersebut memiliki situs pemotong sekuen enzim *MspI* yaitu C*CGG, sedangkan individu yang tidak terpotong fragmen gen



Genotipe
K+ TT TT TT TT CT CC CT CC CT CC TT
Keterangan : K+ = kontrol positif (produk PCR tidak dipotong)

Ilustrasi 2. Genotipe Sapi Pesisir Hasil Pemotongan Produk PCR Gen GH dengan Enzim *MspI*.

GH berarti individu tersebut memiliki situs pemotong sekuen enzim *MspI* yang tidak dikenal atau mengalami perubahan (mutasi) pada situs potong tersebut. Adapun



Ilustrasi 3. Posisi Situs Pemotong Enzim *MspI* pada *Intron 3* Gen GH (Gordon *et al.*, 1983).

individu yang memiliki fragmen gabungan berarti bahwa pada individu tersebut terdapat pasangan alel gen GH yang memiliki situs pemotong enzim *MspI* dan situs pemotong enzim *MspI* yang tidak dikenal (mutasi) atau dikenal dengan individu yang heterosigot.

Berdasarkan hasil pemotongan fragmen gen GH dengan enzim pemotong *MspI* diperoleh tiga macam genotipe pada sapi Pesisir Sumatera Barat yaitu genotipe CC, CT dan TT dengan dua macam alel yaitu alel C dan T. Situs pemotong tersebut sebelumnya telah dilaporkan oleh Zhang *et al.* (1993) yang dianggap sebagai situs polimorfik pada gen GH yang dikenal dengan situs polimorfik *intron* C atau situs pemotong yang terletak pada *intron* 3 (Hoj *et al.*, 1993; Lee *et al.*, 1993). Posisi situs pemotong enzim *MspI* yang terletak pada *intron* 3 disajikan pada Ilustrasi 3.

Frekuensi Genotipe, Alel dan Nilai PIC

Hasil analisis frekuensi genotipe gen GH *MspI* pada sapi Pesisir diperoleh genotipe CC, CT dan TT masing-masing 0,05, 0,30 dan 0,65, sedangkan frekuensi alel C dan T masing-masing 0,20 dan 0,80. Hasil tersebut menunjukkan bahwa secara umum frekuensi alel T lebih tinggi dari pada alel C. Beberapa penelitian, dilaporkan bahwa frekuensi alel gen GH *MspI* terdapat kecenderungan berbeda frekuensinya antar bangsa *Bos taurus* dan *Bos indicus* (Tabel 1).

Nilai frekuensi alel T yang tinggi (0,80) pada gen GH *MspI* pada sapi Pesisir dapat menjadi ciri spesifik terhadap kelompok sapi yang termasuk dalam *Bos indicus*. Lagziel *et al.* (2000) menyatakan bahwa frekuensi alel – (T) GH *MspI* menurun menurut perbedaan lokasi wilayah, seperti pada sapi Brahman di India memiliki frekuensi alel – (T) sangat tinggi, lalu frekuensi pertengahan terdapat pada bangsa sapi

di Rusia, Ukraina dan Mediterania, kemudian frekuensi rendah sampai nol terjadi pada bangsa sapi Eropa. Dengan kata lain bahwa sapi Pesisir memiliki kesamaan yang tinggi dengan bangsa sapi yang termasuk ke dalam kelompok bangsa-bangsa sapi *Bos indicus*.

Tingginya frekuensi alel T juga mengindikasikan bahwa sebagian besar individu sapi Pesisir Sumatera Barat mengalami mutasi pada gen GH di fragmen *intron* 3 – *exon* 4 khususnya di situs pemotong enzim *MspI* atau pada posisi sekuen 1547 bp (Gordon *et al.*, 1983). Nei (1987) menyatakan bahwa mutasi dapat terjadi pada level DNA akibat adanya perubahan basa-basa DNA (A=ademin, T=timin, G=guanin, S=sitosin) dalam bentuk (tipe) substitusi, delesi, insersi dan inversi. Selanjutnya dinyatakan bahwa laju mutasi pada DNA di daerah *coding* relatif rendah yaitu 4×10^{-5} per generasi, meskipun laju mutasi merupakan parameter yang krusial karena tidak dapat diukur secara pasti. Brown (1999) menyatakan bahwa penyebab mutasi terjadi karena kesalahan secara spontan pada saat replikasi dan adanya suatu mutagen.

Tinggi rendahnya fekuensi alel gen GH *MspI* terkait dengan nilai PIC (polymorphic informative content). Botstein *et al.* (1980) menyatakan bahwa PIC merupakan salah satu parameter yang menunjukkan tingkat informasi suatu penciri (marker). Hasil analisis PIC didapatkan nilai sebesar 0,267 (26,7%) yang berarti bahwa tingkat informasi marker gen GH *MspI* termasuk dalam kelompok sedang (moderate). Selanjutnya Botstein *et al.* (1980) menyatakan bahwa kriteria PIC termasuk ke dalam kelompok rendah jika $PIC = 0,25$, sedang $0,25 < PIC < 0,5$ dan tinggi $PIC = 0,5$.

Tabel 1. Distribusi Frekuensi Alel Gen GH *MspI* pada Beberapa Bangsa Sapi yang Termasuk *Bos taurus* dan *Bos indicus*

Bangsa Sapi	Kelompok	Frekuensi Alel		Sumber
		C (+)	T (-)	
Hereford	<i>Bos taurus</i>	1,00	0,00	Lagziel <i>et al.</i> (2000)
Angus	<i>Bos taurus</i>	0,86	0,14	Lagziel <i>et al.</i> (2000)
Brahman	<i>Bos taurus</i>	0,64	0,31	Beauchemin <i>et al.</i> (2006)
Limousin	<i>Bos taurus</i>	0,61	0,39	Lagziel <i>et al.</i> (2000)
Angus dan Brangus	<i>Bos taurus</i>	0,60	0,40	Garcia <i>et al.</i> (2003)
FH Polandia	<i>Bos taurus</i>	0,87	0,13	Dybus (2002)
Holstein	<i>Bos taurus</i>	0,74	0,26	Zhang <i>et al.</i> (1993)
Sahiwal	<i>Bos indicus</i>	0,14	0,86	Mitra <i>et al.</i> (1995)
Ongole	<i>Bos indicus</i>	0,00	1,00	Lagziel <i>et al.</i> (2000)
Sapi Pesisir	<i>Bos indicus</i>	0,20	0,80	Hasil penelitian

Tabel 2. Rataan dan Standar Deviasi Bobot Badan dan Ukuran Tubuh Hubungannya dengan Genotipe Gen *GHMspI* pada Sapi Pesisir

No.	Sifat	Genotipe		
		CC n=7	CT n=37	TT n=79
1.	Bobot badan (kg)	128,4 ± 14,37 ^a	127,4 ± 17,42 ^a	133,5 ± 17,42 ^a
2.	Tinggi pundak (cm)	97,4 ± 2,44 ^a	96,8 ± 4,07 ^a	97,4 ± 4,51 ^a
3.	Lingkar dada (cm)	120,0 ± 4,79 ^a	119,9 ± 6,28 ^a	119,8 ± 6,70 ^a
4.	Panjang badan (cm)	101,3 ± 4,89 ^a	102,6 ± 6,24 ^a	104,1 ± 5,59 ^a

Superskrip huruf sama pada baris yang sama tidak berbeda nyata $\alpha=5\%$.

Berdasarkan nilai PIC sebesar 26,7% memperkuat dugaan bahwa gen GH pada sapi Pesisir Sumatera Barat juga memiliki fragmen situs pemotong enzim *MspI* yang polimorfik. Keberadaan polimorfik tersebut sangat penting artinya terutama kemungkinan penggunaannya dalam mendapatkan sifat-sifat penting yang dianggap bernilai ekonomis dan dapat membantu program seleksi berdasarkan pada polimorfik (penciri) genetik.

Hubungan Genotipe dengan Bobot Badan dan Ukuran Tubuh

Hasil uji *t* antara genotipe CC, CT dan TT tidak berpengaruh nyata ($P>0,05$) terhadap sifat bobot badan, tinggi pundak, lingkar dada dan panjang badan atau dengan kata lain, genotipe (polimorfik) gen *GH MspI* tidak terdapat hubungan yang nyata dengan peubah yang diamati (Tabel 2). Dengan demikian hasil tersebut memperlihatkan bahwa penciri gen *GH MspI* belum memiliki bukti kuat dapat digunakan sebagai alat seleksi dengan bantuan genotipe (*genotype assisted selection*) pada sifat bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh sapi Pesisir Sumatera Barat.

Beberapa hasil penelitian lain terkait dengan polimorfisme gen *GH MspI* dilaporkan bahwa genotipe heterosigot (CT) memiliki bobot badan yang lebih besar dari pada genotipe homosigot (CC/TT) pada umur 6-12 bulan pada sapi Angus dan Brangus (Garcia *et al.*, 2003). Beauchemin *et al.* (2006) menyatakan bahwa belum ada bukti kuat gen *GH MspI* dapat dijadikan sebagai penciri informatif untuk memprediksi karakteristik sifat karkas dan pertumbuhan pada sapi Brahman. Berbeda dengan hasil penelitian yang dilakukan pada sapi perah FH Polandia (Dybus, 2002) bahwa genotipe ++ (CC) memiliki produksi susu dan lemak susu yang lebih tinggi dibandingkan dengan genotipe +- (CT) dan — (TT).

Terkait dengan hasil penelitian yang diperoleh terhadap kemungkinan penggunaan penciri gen *GH MspI* sebagai alat MAS (*marker assisted selection*) atau GAS (*genotype assisted selection*) yang menunjukkan bahwa genotipe tidak ada hubungannya dengan bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh terhadap sapi Pesisir. Terdapat beberapa hal terkait dengan hasil penelitian tersebut yaitu (1) jumlah individu yang bergenotipe CC dalam analisis statistik relatif sedikit (7 dari 123 individu), sehingga perlu jumlah individu atau sampel yang lebih banyak terutama individu yang bergenotipe CC dan (2) koleksi data sifat produksi seperti bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh perlu dilakukan pada kondisi lingkungan yang terkontrol, mengingat data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data lapang yang diambil dari beberapa peternak yang ada di kabupaten Pesisir Selatan dan Padang Pariaman.

Dengan tidak mengurangi arti penting polimorfisme gen *GH MspI* pada sapi Pesisir sebagai penciri genetik yang potensial, maka hasil penelitian ini menunjukkan bahwa polimorfisme gen *GH MspI* perlu studi yang lebih mendalam terhadap kemungkinan dapat digunakan sebagai penciri untuk sifat-sifat yang bernilai ekonomis. Meskipun diketahui bahwa posisi polimorfisme gen *GH MspI* terletak pada intron 3 atau posisi sekuen 1547 bp (Gordon *et al.*, 1983) yang tidak ditranslasi menjadi asam amino dalam proses pembentukan hormon pertumbuhan. Brown (1999) menyatakan bahwa dalam pembentukan protein, terutama pada gen-gen yang termasuk dalam kelompok *eukaryotes*, hanya *exon* yang mengalami translasi menjadi asam amino, sedangkan bagian *intron* dilepas (*splicing*) sebelum translasi berlangsung.

Tidak adanya hubungan antara genotipe gen *GH MspI* dengan bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh pada sapi Pesisir, dapat saja terjadi karena komposisi

asam amino dan struktur hormon pertumbuhannya tidak berubah. Meskipun demikian, sapi Pesisir merupakan suatu sumber penelitian QTL (*Quantitative Trait Loci*) yang menarik ke depan yang perlu dilakukan karena keragaman gennya dan memiliki frekuensi alel T tinggi, sehingga dapat disilangkan dengan bangsa sapi *Bos taurus* yang memiliki ukuran tubuh besar dan frekuensi alel C tinggi untuk kajian *family references*.

KESIMPULAN

Genotipe CC, CT, TT fragmen gen GH *MspI* tidak memiliki hubungan yang berarti terhadap sifat bobot badan, tinggi pundak, panjang badan dan lingkaran dada pada sapi Pesisir. Dengan demikian penciri polimorfik gen GH *MspI* belum dapat digunakan sebagai alat seleksi genetik pada sapi Pesisir untuk sifat bobot badan dan ukuran-ukuran tubuh.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih secara khusus disampaikan kepada Tim BPPS IPB yang telah memberikan bantuan dana penelitian. Ucapan terima kasih juga kami sampaikan kepada Sarbaini Anwar atas tersedianya koleksi data kuantitatif dan sampel darah sapi Pesisir.

DAFTAR PUSTAKA

- Beauchemin, V.R., M.G. Thomas, D.E. Franke and G.A. Silver. 2006. Evaluation of DNA polymorphisms involving growth hormone relative to growth and carcass characteristics in Brahman steers. *Genet. Mol. Res.* 5 (3) : 438-447.
- Botstein D., R.L. White, M. Skolnick and R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in human using restriction fragment length polymorphisms. *Amer. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Brown, T.A. 1999. *Genomes*. Bios Scientific Publishers Ltd. 9 Newtec Place, Magdalin Road, Oxford OX 4 1RE, UK.
- Burton, J.L., B.W. McBride, E. Block, and D.R. Glimm (1994). A review of bovine growth hormone. *Can. J. Anim. Sci.* 74: 167-201.
- Dybus, A., 2002. Association of growth hormone (GH) and prolactin (PRL) genes polymorphism with milk production traits in Polish Black-and-White cattle. *Anim. Sci. Papers and Report* 20(4):203-212.
- Dybus, A., M. Kmiec, B. Wisniewski and H. Wierzbicki. 2002. Polymorphism of the growth hormone gene in Limousine cattle. *Czech J. Anim. Sci.* 47:76-79.
- Eenennaam, A.V. 2006. Marker Assisted Selection in Beef Cattle. Department of Animal Science. University of California. Davis, CA USA.
- Garcia, M.D., M.G. Thomas, G.A. Silver, D.M. Hallford and R.M. Enns. 2003. Relationship The Growth Hormone (GH) *MspI* RFLP to Pituitary Responsiveness to GHRH and Growth Trait in Angus and Brangus Bulls. *Plant & Animal Genomes XI Conference*. San Deigo, CA.
- Ge, W., M.E. Davis, H.C. Hines, K.M. Irvin and R.C.M. Simmen. 2001. Association of a genetic marker with blood serum insulin-like growth factor-1 concentration and growth traits in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 79:1757-1762.
- Gordon, D.F., D.P. Quick, R.C. Erwin. 1983. Nucleotide sequence of the bovine growth hormone chromosomal gene. *Mol. Cell Endocrinol.* 33:81-95.
- Hediger, R., S.E. Johnson, W. Barendse, R.D. Drinkwater, S.S. Moore and J. Hatzel. 1990. Assignment of the growth hormone gene locus to 19q26-qter in cattle and to 11q25-qter in sheep by in situ hybridization. *Genome* 8:171-174.
- Hoj, S., M. Fredholm, N.J. Larsen and V.H. Nielsen. 1993. Growth hormone gene polymorphism associated with selection for milk fat production in lines of cattle. *Anim. Genet.* 24:91-96.
- Lagziel, A., S. Denise, O. Hanotte, S. Dharas, V. Glazko, A. Broadhead, R. Davoli, V. Russo and M. Soller. 2000. Geographic and breed distribution of an *MspI* PCR-RFLP in the bovine growth hormone (bGH) gene. *Anim. Genet.* 31:210-213.
- Lee, B.K., G. F. Lin, B.A. Crooker, M.P. Murtaugh, L.B. Hansen and H. Chester-Jones. 1993. Association of somatotropin (bST) gene polymorphism with selection for milk yield in Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 76:suppl(1)149.
- Mendenhall, W. 1987. *Introduction to Probability and Statistics*. Seventh Ed. PWS Publishers. 20 Park Plaza. Boston, Massachusetts. USA.
- Mitra, A., P. Sciilee, C.R. Balakrisiinan and F.

- Pirciiner. 1995. Polymorphisms at growth hormone and prolactin loci in Indian cattle and buffalo. *J. Anim. Breed. and Genet.* 112:71-74.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press. New York.
- Oprzadek, J., Lukaszewicz, M., Dymnicki, E., Zweirzchowski. 2003. Relationship between growth hormone, κ -casein and β -lactoglobulin genotypes and selected biochemical blood indicators in young Freisian cattle. *Anim. Sci. Papers and Report* 21(4):223-231.
- Reis, C., D. Navas, N. Pereira and A. Cravador. 2001. Growth hormone *AluI* polymorphism analysis in eight Portuguese bovine breeds. *Arch. Zootec.*, 50:41-48.
- Sambrook, J., E.F. Fritsch, T. Maniatis. 1989. *Molecular Cloning; a Laboratory Manual*. CSH Laboratory Press. USA.
- Sarbaini. 2004. *Kajian Keragaman Karakteristik Eksternal dan DNA Mikrosatelit Sapi Pesisir Sumatera Barat*. Disertasi. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- Unanian, M.M., C.C.Barreto, A.R. de Freitas, C.M.T. Cordeiro and L.A. Josahkian. 2000. Association between growth hormone gene polymorphism and weight traits in Nellore Bovines. *Rev. Bras. Zootec.*, 29(5):1380-1386.
- Woychick, RP., S.A. Camper, R.H. Lyons. 1982. Cloning and nucleotide sequencing of the bovine growth hormone gene. *Nucleic Acid Res.*, 10(22):7197-7210.
- Zhang, H.M., D.R. Brown, S.K. Denise and R.L. Ax. 1993. Rapid communication: polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis of the bovine somatotropin gene. *J. Anim. Genet.* 71:2276-2282.