

**KERAGAMAN DAERAH *CODING GEN CYTOCHROME*
P450 FAMILY 26 SUBFAMILY B MEMBER 1 (CYP26B1)
PADA PEJANTAN SAPI BALI**

NELYTA MULYATI



**ILMU PRODUKSI DAN TEKNOLOGI PETERNAKAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

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.

Perpustakaan IPB University



PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “*Keragaman Daerah Coding Gen Cytochrome P450 Family 26 Subfamily B Member 1 (CYP26B1) pada Pejantan Sapi Bali*” 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, Desember 2025

Nelyta Mulyati
D1501232049



RINGKASAN

NELYTA MULYATI. Keragaman Daerah *Coding* Gen *Cytochrome P450 Family 26 Subfamily B Member 1* (CYP26B1) pada Pejantan Sapi Bali. Dibimbing oleh AKARIA, dan RONNY RACHMAN NOOR.

Sapi bali merupakan salah satu sumber daya genetik ternak asli Indonesia yang perlu ditingkatkan produktivitasnya, dimanfaatkan dan dilestarikan. Upaya pemanfaatan dan pelestarian sapi bali dapat dilakukan dengan pendekatan seleksi. Pemanfaatan data genom sebagai salah satu metode seleksi saat ini intensif dilakukan. Sebagai tahap awal, eksplorasi terhadap gen-gen potensial yang terkait dengan sifat ekonomis perlu dilakukan. Salah satu gen prospektif adalah gen CYP26B1, yang memiliki peran penting dalam mengatur metabolisme asam retinoat (RA), yang memengaruhi berbagai sifat seperti reproduksi, kualitas daging, dan kesehatan secara keseluruhan pada sapi. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis keragaman gen CYP26B1 pada pejantan sapi bali.

Sapi bali yang digunakan dalam penelitian ini adalah pejantan sapi bali yang dipelihara di BBIB Singosari, Malang, Jawa Timur, Indonesia. Manajemen pemeliharaan pejantan sapi bali dilakukan sesuai dengan standar, termasuk pemberian pakan baik hijauan dan konsentrat berdasarkan Pedoman Operasional Baku (POB). Total sampel darah diambil dari 10 ekor pejantan sapi bali melalui vena jugularis oleh dokter hewan. Penelitian ini telah disetujui oleh Komisi Etik dengan Nomor 318-2025 IPB. Ekstraksi DNA dilakukan berdasarkan prosedur Genomic DNA Mini Kit Geneid. Primer yang digunakan untuk mengamplifikasi daerah *coding* gen CYP26B1 (kode akses ENSBTAG00000012212) dirancang menggunakan Primer 3 (<https://primer3.ut.ee/>) dan Primer Stats. Data hasil *sequencing* setiap fragmen disejajarkan menggunakan metode *clustal W* Program MEGA12 digunakan untuk menghitung keragaman gen CYP26B1 yang meliputi frekuensi alel, frekuensi genotipe, nilai heterosigot pengamatan (H_o) dan harapan (H_e). Pohon genetik dikonstruksi berdasarkan total panjang sekuen daerah *coding* gen CYP26B1 menggunakan metode NJ (*Neighbor joining*) dengan bootstrap sebanyak 1000 menggunakan program MEGA12. CYP26B1 dianalisis melalui beberapa tahapan, meliputi ekstraksi sampel darah, PCR, dan *sequencing*. SNP pada daerah *coding* gen CYP26B1 diidentifikasi menggunakan perangkat lunak MEGA 12, dan data tersebut digunakan untuk menghitung frekuensi alel dan genotipe, heterozigositas (H_o dan H_e), serta melakukan uji keseimbangan Hardy-Weinberg (χ^2).

Enam SNP terdeteksi, yaitu c.528 C>T, c.624 G>A, c.948 G>A, c.1005 C>T, c.1098 G>T, dan c.1125 G>A. Frekuensi alel dari SNP tersebut umumnya menunjukkan dominasi alel T, A, G, atau C, dengan sedikit variasi. Identifikasi enam SNP pada daerah *coding* gen CYP26B1 pada pejantan sapi bali mengindikasikan tingkat variasi genetik yang rendah hingga sedang. Uji χ^2 untuk setiap SNP menunjukkan hasil yang konsisten dengan keseimbangan Hardy-Weinberg ($P > 0.05$).

Kata kunci: CYP26B1, keragaman genetik, marker assisted selection, SNP, sapi bali.

SUMMARY

NELYTA MULYATI. The Variation in the Coding Region of the Cytochrome P450 Family 26 Subfamily B Member 1 (CYP26B1) Gene in Bali Cattle Bulls. Supervised by JAKARIA, and RONNY RACHMAN NOOR.

Bali cattle are one of Indonesia's native animal genetic resources that require improved productivity, sustainable utilization, and conservation. Efforts to utilize and conserve Bali cattle can be carried out through selective breeding approaches. The use of genomic data as a selection method is currently being intensively implemented. As an initial step, exploration of potential genes associated with economically important traits needs to be conducted. One of the prospective is the CYP26B1 gene plays a crucial role in regulating retinoic acid (RA) metabolism, influencing traits such as reproduction, meat quality, and overall health in cattle. This study aimed to identify and analyze the diversity of the CYP26B1 gene in Bali cattle bulls.

Ten blood samples were collected from Bali cattle bulls at the AI Center in Singosari, Malang, East Java, Indonesia. The management of Bali cattle bulls was carried out in accordance with established standards, including the provision of both forage and concentrate feeds based on the Standard Operating Procedure (SOP). A total of ten blood samples were collected from Bali cattle bulls through the jugular vein by a veterinarian. This study was approved by the Ethics Committee under Approval Number 318-2025 IPB. DNA extraction was performed following the procedures of the Gene aid Genomic DNA Mini Kit. Primers used to amplify the coding region of the CYP26B1 gene (accession code ENSBTAG00000012212) were designed using Primer3 and Primer Stats. Sequencing data for each fragment were aligned using the Clustal W method in the MEGA12 program. These data were used to calculate the genetic diversity of the CYP26B1 gene, including allele frequencies, genotype frequencies, and the observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosity values. A phylogenetic tree was constructed based on the total sequence length of the CYP26B1 coding region using the Neighbor-Joining (NJ) method with 1,000 bootstrap replications in the MEGA 12 software, and the data were used to calculate allele and genotype frequencies, as well as heterozygosity (H_o and H_e), and to perform Hardy-Weinberg equilibrium (chi-square; χ^2) tests. Six

SNPs were detected: c.528 C>T, c.624 G>A, c.948 G>A, c.1005 C>T, c.1098 G>T, and c.1125 G>A. The allele frequencies for these SNPs mostly showed a predominance of T, A, G, or C alleles, with some variation. Six SNPs were identified in the coding region of the CYP26B1 gene in bali bulls, indicating low to moderate genetic diversity. The χ^2 test for each SNP indicated a status consistent with Hardy-Weinberg equilibrium ($P > 0.05$).

Keywords: bali cattle, CYP26B1, genetic diversity, marker assisted selection, SNP.



@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.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2025
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.

**KERAGAMAN DAERAH *CODING* GEN *CYTOCHROME P450*
FAMILY 26 SUBFAMILY B MEMBER 1 (CYP26B1) PADA
PEJANTAN SAPI BALI**

NELYTA MULYATI

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

**ILMU PRODUKSI DAN TEKNOLOGI PETERNAKAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@Hak cipta milik IPB University

IPB University

Tim Penguji pada Ujian Tesis: Dr. Ir Sri Darwati, M.Si.



IPB University
— Bogor Indonesia —

- 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: Keragaman Daerah Coding Gen *Cytochrome P450 Family 26 Subfamily B Member 1 (CYP26B1)* pada Pejantan Sapi Bali
Nama : Nelyta Mulyati
NIM : D1501232049

Disetujui oleh

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

Pembimbing 2:
Prof. Dr. Ir. Ronny Rachman Noor, MRur.Sc.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Ir. Cece Sumantri, M.Sc.
NIP 19591212 198603 1 004

Dekan Fakultas Peternakan:
Prof. Dr. Ir. Idat Galih Permana, M.Sc.Agr.
NIP 19670506 199103 1 001

Tanggal Ujian: 17 Desember 2025

Tanggal Lulus:



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

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.

Perpustakaan IPB University

PRAKATA

Puji dan syukur senantiasa dipersembahkan ke hadirat Allah Subhanahu wa Ta'ala atas limpahan rahmat, karunia, dan hidayah-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis yang berjudul "*Keragaman Daerah Coding Gen Cytochrome P450 Family 26 Subfamily B Member 1 (CYP26B1) pada Pejantan Sapi Bali*". Penelitian ini telah dilaksanakan sejak bulan Maret hingga Oktober 2025. Tesis ini disusun sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Magister Sains pada Program Studi Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan, Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor.

Berbagai tantangan dan hambatan dalam proses penyusunan tesis ini, telah dihadapi. Namun, berkat pertolongan Allah SWT serta dukungan dari berbagai pihak, semua dapat dilalui dengan baik. Oleh karena itu, penulis menyampaikan terima kasih dan penghargaan yang sebesar-besarnya kepada:

1. Prof. Dr. Jakaria, S.Pt, M.Si., dan Prof. Dr. Ir. Ronny Rachman Noor, MRur.Sc. selaku komisi pembimbing, atas bimbingan, arahan, motivasi, serta dukungan yang diberikan sejak tahap penyusunan proposal penelitian, pelaksanaan penelitian, hingga penulisan tesis ini.
2. Penulis menyampaikan terima kasih dan penuh cinta kepada kedua orang tua, kakak-kakak, adik-adik, serta seluruh keluarga besar, atas doa, dukungan, dan kasih sayang yang senantiasa menyertai penulis selama menempuh pendidikan di program studi IPTP Sekolah Pascasarjana, IPB University.
3. Penulis menyampaikan terima kasih kepada kepala Program Studi Pascasarjana Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan (IPTP), Prof. Dr. Ir. Cece Sumantri, M.Sc., dan mbak Okta Siswanti, S.Pd. atas segala bantuan, bimbingan akademik, serta dukungan dalam proses administrasi dan berbagai keperluan lainnya selama menjalani studi di Pascasarjana IPTP.
4. Penulis menyampaikan terima kasih kepada Lembaga Pengelola Dana Pendidikan (LPDP) atas beasiswa pendidikan yang telah diberikan, sehingga penulis dapat menempuh pendidikan pascasarjana ini.
5. Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada mbak Shelvi, S.Si. yang telah membantu dalam proses pengumpulan data di laboratorium Genetika Molekuler Fakultas Peternakan IPB University.
6. Penghargaan juga disampaikan kepada seluruh mahasiswa Program Studi Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan Sekolah Pascasarjana IPB University angkatan 2023 dan 2024, atas semangat, kebersamaan, dan dukungan yang telah diberikan selama proses studi.
7. Penulis menyampaikan terima kasih kepada keluarga besar ABGSCi IPB University atas dukungan dan kebersamaan yang diberikan selama masa studi.

Semoga tesis ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Desember 2025

Nelyta Mulyati



DAFTAR ISI

DAFTAR ISI	iii
DAFTAR TABEL	iv
DAFTAR GAMBAR	iv
PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Perumusan Masalah	2
1.3 Tujuan Penelitian	2
1.4 Manfaat Penelitian	2
1.5 Ruang Lingkup Penelitian	2
II METODE PENELITIAN	3
2.1 Waktu dan Tempat Penelitian	3
2.2 Alat dan Bahan	3
2.3 Prosedur Penelitian	3
2.3.1 Pernyataan Etik	3
2.3.2 Koleksi Sampel	3
2.3.3 Ekstraksi DNA, Amplifikasi PCR dan Analisis Sekuensing	3
2.4 Analisis Data	5
2.4.1 Frekuensi Genotipe dan Alel	5
2.4.2 Heterozigositas	5
2.4.3 Keseimbangan Hardy-Weinberg (HW)	6
2.4.4 Rekonstruksi Pohon Filogenetik	6
III HASIL DAN PEMBAHASAN	7
3.1 Amplifikasi Gen CYP26B1	7
3.2 Penentuan SNP dan Keragaman gen CYP26B	8
3.3 Rekonstruksi Pohon Filogenetik	12
IV SIMPULAN DAN SARAN	14
4.1 Simpulan	14
4.2 Saran	14
DAFTAR PUSTAKA	15
RIWAYAT HIDUP	18



DAFTAR TABEL

1. Sekuen dan primer daerah <i>coding</i> gen CYP26B1	4
2. Keragaman gen CYP26B1 pada sapi bali	11

DAFTAR GAMBAR

1. Produk PCR gen CYP26B1 ekson 4-9 pada sapi bali	7
2. Panjang sekuen gen CYP26B1	8
3. Penentuan SNP daerah <i>coding</i> gen CYP26B1	9
4. Rekonstruksi filogenetik berdasarkan sekuen daerah <i>coding</i> gen CYP26B1	12