

**KERAGAMAN GENETIK GEN HORMON PERTUMBUHAN
DAN HUBUNGANNYA DENGAN PERTAMBAHAN
BOBOT BADAN PADA SAPI SIMMENTAL**

Disertasi



**HARY SUHADA
1231212601**

Pembimbing:

Dr. Ir. Sarbaini Anwar, MSc

Prof. Dr. Ir. Hj. Arnim, MS.

Dr. Ir. Hendri, MS.

Dr. Ir. Yurnalis, MSc.

**PROGRAM STUDI ILMU PETERNAKAN
PROGRAM DOKTOR FAKULTAS PETERNAKAN
UNIVERSITAS ANDALAS**

2016

KERAGAMAN GENETIK GEN HORMON PERTUMBUHAN DAN HUBUNGANNYA DENGAN PERTAMBAHAN BOBOT BADAN PADA SAPI SIMMENTAL

RINGKASAN

Tujuan penelitian ini adalah untuk : (1) mendapatkan keragaman karakteristik bobot sapih dan PBBH (pertambahan bobot badan harian) lepas sapih pada sapi Simmental, (2) mendapatkan keragaman pada beberapa fragmen gen hormon pertumbuhan (GH) *MspI*, *AluI*, *DdeI* dan *ApaI* pada sapi Simmental dan (3) mendapatkan hubungan keragaman beberapa fragmen gen hormon pertumbuhan (GH) *MspI*, *AluI*, *DdeI* dan *ApaI* dengan bobot sapih dan PBBH lepas sapih pada sapi Simmental.

Penelitian lapangan dilakukan untuk mendapatkan data pertambahan bobot badan harian lepas sapih menggunakan data catatan bobot lahir, bobot sapih dan bobot lepas sapih sapi Simmental yang dikembangbiakkan di BPTU HPT (Balai Pembibitan Ternak Unggul Hijauan Pakan Ternak) Padang Mengatas dari tanggal 1 Maret sampai 31 Desember 2014. Penelitian Laboratorium dilaksanakan untuk mendapatkan ragam alel lokus-lokus *MspI*, *AluI*, *DdeI* dan *ApaI* pada fragmen gen hormon pertumbuhan sapi Simmental dari tanggal 1 Juli 2014 sampai 1 Oktober 2015 di Laboratorium Bioteknologi Fakultas Peternakan Universitas Andalas.

Hasil analisis bobot sapih dan PBBH lepas sapih mempunyai keragaman cukup tinggi yaitu secara berturut-turut 21,09% dan 45,31%, sehingga berpeluang untuk peningkatan mutu genetik melalui seleksi. Hasil perhitungan frekuensi genotip dan frekuensi alel yang diperlihatkan pada pemanfaatan berbagai enzim restriksi, sapi Simmental memiliki frekuensi genotip masing-masing untuk fragmen gen GH1 *AluI* memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 1,00 dan tidak menghasilkan genotip (+/-) dan genotip (-/-). Hal ini menyebabkan frekuensi alel yang diperoleh pada sapi Simmental alel (+) juga bernilai 1,0 dan lebih besar dari alel (-). Fragmen gen GH2 *MspI* memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 0,82, (+/-) sebesar 0,11 dan (-/-) sebesar 0,07 dan frekuensi alel yang diperoleh alel (+) lebih besar dari alel (-) yaitu secara berturut-turut 0,875 dan 0,125. Fragmen gen GH2 *AluI* memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 0,95 dan (-/-) sebesar 0,05 sedangkan frekuensi alel yang diperoleh dari GH2 *AluI* yaitu alel (+) sebesar 0,95 lebih besar dari alel (-) yaitu 0,05. Fragmen gen GH2 *DdeI* hanya memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 1,00 dan tidak memiliki frekuensi genotip (+/-) dan (-/-). Hal ini menyebabkan frekuensi alel (+) juga 1,00 dan tidak memiliki frekuensi alel (-). Fragmen gen GH2 *ApaI* memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 0,00, (+/-) sebesar 0,95 dan (-/-) sebesar 0,05 sedangkan frekuensi alel yang diperoleh dari GH2 *ApaI* yaitu alel (+) sebesar 0,475 dan alel (-) sebesar 0,525.

Fragmen gen GH3 *MspI* memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 0,86, (+/-) sebesar 0,04 dan (-/-) sebesar 0,10 dan frekuensi alel yang diperoleh alel (+) lebih besar dari alel (-) yaitu secara berturut turut 0,88 dan 0,12. Fragmen gen GH3 *AluI* memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 0,94 dan genotip (-/-) sebesar 0,06 sedangkan frekuensi alel yang diperoleh dari GH3 *AluI* yaitu alel (+) sebesar 0,94 lebih besar dari alel (-) yaitu 0,06 selanjutnya fragmen gen GH3 *DdeI* hanya memiliki frekuensi genotip (+/+) sebesar 1,00 sehingga menyebabkan frekuensi alel (+) juga 1,00 dan tidak memiliki frekuensi alel (-).

Hasil pengujian keseimbangan gen pada populasi sapi Simmental dengan menggunakan uji *chi-square* (χ^2) terhadap genotip fragmen gen GH1, GH2 dan GH3 yang direstriksi dengan enzim *MspI*, *AluI*, *DdeI* dan *ApaI* menunjukkan frekuensi genotip dalam keadaan tidak seimbang ($\chi^2_{hitung} > \chi^2_{tabel 0,05}$) atau dapat dikatakan adanya penyimpangan dari hukum keseimbangan Hardy-Weinberg.

Nilai heterozigositas pada penciri PCR-RFLP fragmen GH2 maupun GH3 memiliki nilai heterozigositas harapan (H_e) lebih besar dari heterozigositas pengamatan (H_o). Apabila nilai heterozigositas harapan yang lebih besar dari nilai heterozigositas pengamatan ($H_o < H_e$) mengidentifikasi bahwasanya populasi sampel memiliki derajat endogami (perkawinan dalam kelompok) sebagai akibat adanya proses seleksi yang intensif. Selanjutnya nilai PIC (*Polymorphic Informative Content*) fragmen gen GH2 *MspI*, GH2 *AluI*, GH3 *MspI* dan GH3 *AluI* memiliki nilai PIC yang rendah sedangkan fragmen gen GH2 *ApaI* yang memiliki nilai PIC kriteria sedang

Hasil analisis regresi hubungan keragaman gen GH dengan bobot sapih dan PBBH lepas sapih menunjukkan terhadap setiap penciri PCR-RFLP nilai F_{hitung} yang diperoleh lebih kecil dari F_{tabel} sedangkan probabilitas yang diperoleh dari masing masing penciri juga menunjukkan nilai yang lebih besar dari probabilitas (0,05) sehingga hasil ini menyatakan tidak ada hubungan antara keragaman antara gen GH dengan bobot sapih dan PBBH lepas sapih.

Kata kunci : sapi Simmental, gen hormon pertumbuhan (GH), PCR-RFLP, bobot sapih, PBBH lepas sapih



THE GENETIC DIVERSITY OF GROWTH HORMONE GENE AND ITS RELATION WITH AVERAGE DAILY GAIN IN SIMMENTAL CATTLE

SUMMARY

The purpose of this study was (1) to obtain the diversity of weaning live weight and Post weaning live weight gain on Simmental cattle, (2) to obtain the diversity at some of gene fragment of growth hormone (GH) *MspI*, *AluI*, *DdeI* and *ApaI* on Simmental cattle and (3) to obtain some the diversity relationships gene fragment of growth hormone (GH) *MspI*, *AluI*, *DdeI* and *ApaI* with weaning weight and weaning PBBH on Simmental cattle.

Field research was carried to obtain data body weight gain and Blood samples were collected from 100 Simmental cattle from Padang Mangatas Breeding centre from March to December 2014. Laboratory research conducted to obtain diversity the locus of *MspI*, *AluI*, *DdeI* and *ApaI* on gene fragments of growth hormone gene in Simmental cattle from July, 2014 until October, 2015 at the Biotechnology Laboratory of Faculty of Animal Husbandry, Andalas University.

The results of the analysis of weaning live weight and Post weaning live weight gain has the the diversity is quite high that 21.09% and 45.31%, so the opportunity to increase the genetic quality by selection. The result of the calculation of genotype frequency and allele frequency are shown in the utilization of the various restriction enzymes, Simmental cattle have the genotype frequencies for GH1 *AluI* has genotype frequency 1.00 for (+/+) and does not produce genotype (+/-) and genotype (-/-). It causes the allele frequency obtained at Simmental cattle ; 1.0 for allele (+) and is larger than allele (-). GH2 *MspI* has genotype frequency 0.82 for (+/+); 0.11 for (+/-); 0.07 for (-/-) and the allele frequency obtained; 0.82 for (+) and is larger than allele (-) of 0.125. GH2 *AluI* has genotype frequency 0.95 for (+/+); 0.05 for (-/-) and the allele frequency obtained; 0.95 for (+) and is larger than (-) of 0.05. GH1 *DdeI* has genotype frequency 1.00 for (+/+) and does not produce genotype (+/-) and genotype (-/-). It causes the allele frequency obtained ; 1.0 for (+) and is larger than allele (-). GH2 *ApaI* has genotype frequency 0.00 for (+/+); 0.95 for (+/-); 0.05 for (-/-) and the allele frequency obtained ; 0.475 for (+) and 0.125 for (-).

The Gene fragmen of GH3 *MspI* has genotype frequency 0.86 for (+/+); 0.04 for (+/-); 0.10 for (-/-) and the allele frequency obtained; 0.88 for (+) and is larger than allele (-) of 0.12. GH3 *AluI* has genotype frequency 0.94 for (+/+) and genotype frequency 0.06 for (+/-). The allele frequency obtained; 0.94 for (+) and is larger than allele (-) of 0.06. GH3 *DdeI* has only genotype frequency 1.00 for (+/+) causing allele frequency (+) also 1.00 and did not have the allele frequency (-).

The results of balance testing of gene in Simmental cattle population by using chi-square test (χ^2) to genotype GH1, GH2 and GH3 gene fragment showed that frequency of genotype was unbalanced ($\chi^2_{\text{test}} > \chi^2_{\text{table } 0.01}$) or it can be said there were deviations from Hardy-Weinberg equilibrium law.

The value of heterozygosity on PCR-RFLP identifier fragment GH1, GH2 and GH3 has the expectation value of heterozygosity (H_e) bigger than the observations of heterozygosity (H_o). If the expectations of heterozygosity values bigger than the value of the observation of heterozygosity ($H_o < H_e$) identifies that the sample population had a degree of endogamy (marriage within the group) as a result of an intensive selection process. the value of PIC (Polymorphic Informative Content) GH2 MspI, GH2 AluI, GH3 MspI and GH3 AluI has PIC low value while the GH2 ApaI which has a value of PIC criteria of being

The relationship of growth hormone genotypes on growth traits are of great interest for their breeders. The results analysis of relationship polymorphism GH gene with weaning live weight and post weaning live weight gain Simmental heifers and steers in Animal Breeding Center and Forage Padang Mengatas was observed as non-significant ($P > 0.05$). These matters showed the variation in each group is homogeneous.

Kata kunci : Simmental cattle, growth hormone (GH) gene, PCR-RFLP, weaning live weight, post weaning live weight gain



