

**VARIASI GENETIK KAMBING SENDURO DAN PERANAKAN
ETAWA (PE) BERDASARKAN SEKUEN GEN *CYT-B* (*CYTOCHROME-
B*) DENGAN METODE *POLYMERASE CHAIN REACTION***

*Genetic Variation of Senduro and Peranakan Etawa Goats Based on Cyt-B
(Cytochrome-B) Gene Sequence Using Polymerase Chain Reaction*

Rizka Gitta Almaida¹⁾, Yudit Oktanella¹⁾, Gatot Ciptadi²⁾

¹⁾ Fakultas Kedokteran Hewan, Universitas Brawijaya, Jalan Veteran, Ketawanggede, Kec.
Lowokwaru, Kota Malang, Jawa Timur, Indonesia 65145

²⁾ Fakultas Peternakan, Universitas Brawijaya, Jalan Veteran, Ketawanggede, Kec.
Lowokwaru, Kota Malang, Jawa Timur, Indonesia 65145

*Corresponding author: rizkagtta@gmail.com

Submitted 29 July 2020, Accepted 24 August 2020

ABSTRAK

Informasi genetik kambing Senduro dan PE (Peranakan Etawa) yang berada di BBIB Singosari merupakan kambing lokal asal Jawa Timur, Indonesia yang digunakan dalam program *breeding*, khususnya untuk produksi semen beku untuk inseminasi buatan masih sangat terbatas. Perlu dilakukan analisa molekuler untuk menseleksi pejantan yang akan digunakan untuk produksi semen beku salah satunya dengan ilmu biologi molekuler. Penelitian tentang keragaman genetik dilakukan dengan menggunakan DNA mitokondria (mtDNA). *Cytochrome b* (*Cyt-b*) merupakan salah satu mtDNA yang memiliki laju mutasi yang sedang dan memiliki posisi sekuens nukleotida yang dipertahankan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui susunan nukleotida kambing Senduro dan PE berdasarkan genotip mtDNA. Sampel yang digunakan berupa *whole blood* dari enam ekor kambing Senduro, dan tiga ekor kambing PE yang berasal dari BBIB Singosari, Malang, Jawa Timur. Sampel *whole blood* diisolasi dengan *Blood DNA Preparation Kit by Jena Bioscience*. Primer yang digunakan yaitu primer *Forward* (*Cytb_F*) 5'GCAATTGCCATAGTCCACCT'3 dan *Reverse* (*Cytb_R*) 5'GGATTTGCCGGG GTATAGTT'3. Hasil PCR disekuensing dengan metode *Sanger*. Analisa sekuen gen dilakukan menggunakan *software* MEGA-X. Penyejajaran *pairwise distance* menunjukkan terdapat perbedaan basa nukleotida pada kambing Senduro dan PE. Sampel SE1 mengalami *missense mutation*, dan sampel SE2, SE3, SE4, SE5, SE6, PE1, PE2, PE3 mengalami *frameshift mutation*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetik kambing Senduro dan PE yang dibandingkan dengan *database* NCBI *Capra hircus*: D8420.1 tergolong tinggi.

Kata kunci: Kambing senduro, kambing PE, variasi genetik, cytochrome-b, PCR

How to cite : Almaida, R. G., Oktanella, Y., Ciptadi, G. (2020). Variasi Genetik Kambing Senduro dan Peranakan Etawa (PE) Berdasarkan Sekuen Gen *CYT-B* (*Cytochrome-B*) Dengan Metode *Polymerase Chain Reaction*. *TERNAK TROPIKA Journal of Tropical Animal Production* Vol 21, No 2 (102-110)

ABSTRACT

Senduro and Peranakan Etawa (PE) goats in BBIB Singosari is from Jawa Timur, Indonesia. These goats have been used for a breeding program, especially for freezing semen production. In a breeding program, molecular analysis has a critical role because this method can be used to determine genetic variation in animals. Genetic variation can be done using Cyt-b (Cytochrome-b). Cyt-b located in mtDNA usually used for research in phylogenetic species level because Cyt-b has a moderate evolution rate and has a conserved area. The goal of this research is to discover the order of the nucleotides of Senduro and PE goats based on the mtDNA genotype. This research using a whole blood sample from six Senduro goats and three PE goats in BBIB Singosari, Malang, East Java. Blood DNA Preparation Kit by Jena Bioscience is used for DNA isolation. The primers used in the PCR method are Forward (Cytb_F) 5'GCAATTGCCATAGTCCACCT'3 dan Reverse (Cytb_R) 5'GGATTTGCCGGGGT ATAGTT'3. Gene sequence analysis for genetic variation using MEGA-X software. Pairwise distance alignment showed that there are different nucleotides order in Senduro and PE goats. Sample code PE1 undergoes a missense mutation and SE2, SE3, SE4, SE5, SE6, PE1, PE2, PE3 undergoes a frameshift mutation. It can be concluded that the genetic variation rate in Senduro and PE goats that has been compared with the NCBI database of Capra hircus: D84201.1 is high.

Keywords: *Senduro goats, PE goats, cytochrome-b, genetic variation, PCR*

PENDAHULUAN

Kambing Senduro merupakan keturunan yang diduga berasal dari hasil persilangan antara kambing Etawa, Kacang, dan Jawarandu yang sudah berlangsung sejak 100 tahun lamanya. Kambing ini telah diresmikan sebagai kambing *breed* lokal Indonesia berdasarkan Keputusan Menteri Pertanian RI Nomor: 1055/Kpts/SR.120/10/2014. Kambing Peranakan Etawa merupakan kambing hasil persilangan antara kambing Etawa dan Kacang. Kambing ini telah diresmikan sebagai kambing *breed* lokal Indonesia berdasarkan Keputusan Menteri Pertanian RI Nomor: 695/Kpts/PD.410/2/2013.

Umumnya, karakteristik fisik pada kambing Senduro mirip dengan kambing Peranakan Etawa, karena indukan kambing Senduro diseleksi dari kambing PE oleh peternak dan *breeder* selama bertahun-tahun (Ciptadi, *et al.*, 2013). Kedua *breed* ini termasuk kedalam kekayaan sumber daya genetik ternak lokal Indonesia. Penting untuk dilakukan upaya pelestarian sumber daya genetik untuk mempertahankan hingga meningkatkan kualitas fenotipik dan genotip

secara terus menerus agar kedua *breed* ini dapat terus bertahan hidup (Kurnianto, 2017). Kambing Senduro dan PE merupakan kambing dwiguna, dimana hasil karkas dan susu-nya memiliki nilai yang tinggi jika dibandingkan dengan kambing *breed* lain. Persen karkas untuk kambing bernilai 47,15% (Shija, *et al.*, 2013). Bobot kambing Senduro dapat mencapai 120 kg dan produksi susu per-hari berkisar antara 0,8–1,8 liter/ekor/hari. Sedangkan bobot kambing Peranakan Etawa dapat mencapai 90 kg dengan produksi susu per-hari berkisar antara 1-3 liter/ekor/hari. Kedua kambing ini memiliki sifat kelahiran profilik dan dalam waktu 2 tahun dapat beranak hingga tiga kali sehingga memungkinkan populasi ternak kambing Senduro dan PE dapat tumbuh cepat, dan dapat memenuhi kebutuhan pangan masyarakat, baik susu maupun dagingnya (Malik, *et al.*, 2016).

Kambing Senduro dan PE yang berada di Balai Besar Inseminasi Buatan, Singosari, Jawa Timur digunakan untuk program breeding terutama untuk pembuatan semen beku yang digunakan untuk inseminasi buatan. Identifikasi di bidang biologi

molekuler dapat digunakan untuk menseleksi pejantan unggul yang kemudian semennya digunakan untuk pembuatan semen beku. Kualitas dari semen beku sangat berperan penting pada program *breeding* ternak (Hernawati, *et al.*, 2016). Mitokondrial DNA (mtDNA) dapat digunakan untuk identifikasi molekuler. mtDNA memiliki laju mutasi yang lebih tinggi dari DNA nukleus, memiliki daerah *conserved* dan *less conserved* serta mtDNA diturunkan secara maternal tanpa rekombinan (Susmiarsih, 2010).

Area mtDNA yang sering digunakan untuk penelitian filogenetik untuk mengetahui variasi genetik yaitu *Displacement-loop* dan *Cytochrome-b*. Pada penelitian ini digunakan *Cytochrome-b* karena gen ini mampu mendeteksi haplotip yang berbeda pada mitokondria dan memiliki laju mutasi yang sedang, sehingga

gen *Cytochrome-b* lebih *conserved* jika dibandingkan dengan *Displacement loop* (Pakpahan, *et al.*, 2016). Berdasarkan latar belakang yang telah dijelaskan diatas, penelitian ini dilakukan untuk mengetahui apakah terdapat variasi genetik antara kambing Senduro dan Peranakan Etawa berdasarkan sekuens nukleotida gen *Cytochrome-b* menggunakan penyejajaran *pairwise distance*.

MATERI DAN METODE

Materi Penelitian

Sampel penelitian menggunakan 6 sampel darah kambing Senduro dan 3 sampel darah kambing PE. Sampel yang digunakan sebagai bahan penelitian merupakan kambing pejantan unggul yang sehat. Kambing PE dan Senduro di BBIB Singosari berasal dari Lumajang, Jawa Timur.

Tabel 1. Informasi Sampel Kambing Senduro dan Peranakan Etawa

No	Spesies	Nama	Jenis Kelamin	Umur	Asal	Kode
1	PE	Fikra	Jantan	8 tahun	Jawa Timur	PE1
2	PE	Gumitir	Jantan	3 tahun	Jawa Timur	PE2
3	PE	Avanto	Jantan	8 tahun	Jawa Timur	PE3
4	Senduro	Zendo	Jantan	6 tahun	Lumajang	SE1
5	Senduro	Luzen	Jantan	4 tahun	Lumajang	SE2
6	Senduro	Elpedepe	Jantan	4 tahun	Lumajang	SE3
7	Senduro	Gameto	Jantan	5 tahun	Lumajang	SE4
8	Senduro	Bagaz	Jantan	5 tahun	Lumajang	SE5
9	Senduro	Rispro	Jantan	5 tahun	Lumajang	SE6

Alat dan Bahan

Peralatan yang digunakan dalam penelitian yaitu, *vacum needle*, *needle holder*, *glove*, masker, *dry ice*, gunting, *ice box*, kertas label, *vacutainer EDTA*, *microcentrifuge tube* 1,5 ml, mikropipet, *yellow tip*, *white tip*, *micro PCR tube* 200 µl, *sentrifuge*, mesin vortex, *incubator*, *freezer*, timbangan analitik digital, erlenmeyer, mesin *sequencing*, *thermocycler*, komputer, *microwave*, AE-Nano200 *Nucleic Acid Analyzer*®, *Bio Step UV-Transilluminator* DH-40, *Mupid-Exu Electrophoresis*, tisu, dan kamera. Bahan yang digunakan dalam penelitian yaitu sampel darah kambing PE

dan kambing Senduro, *Blood DNA Preparation Kit by Jena Bioscience*, *Nuclease Free Water* (NFW), *Pecgreen*, TBE (*Tris-Borac Acid-EDTA*), primer *Forward* (Cytb_F) 5'GCAATTGCCATAGTCCACCT'3 dan *Reverse* (Cytb_R) 5'GGATTTGCCGGGGTATAGTT'3, marker DNA 100 bp dan 1 kb, 2x *Taq MasterMix* 14 µl, agarosa 1% dan 2%, etanol absolut, etanol 70% dan aluminium foil.

Metode Pengambilan sampel whole blood

Pengambilan darah melalui vena jugularis dengan menggunakan *vacum needle* dan *needle holder*. Pengambilan

darah pada vena jugularis dapat pula menggunakan *sput* (Dewanti, *et al.*, 2013). Hewan terlebih dahulu di *restraint* agar memudahkan proses pengambilan darah. Vena jugularis dibendung dan terlebih dahulu diberikan desinfeksi, lalu darah diambil. Setelah pengambilan darah selesai, pada situs pengambilan darah diberikan desinfektan kembali sambil di tekan untuk menghentikan darah. Darah hasil koleksi disimpan di tabung *vacutainer EDTA*.

Isolasi DNA

Proses isolasi DNA pada sampel darah kambing PE dan kambing Senduro menggunakan *Blood DNA Preparation Kit by Jena Bioscience*. Dilakukan uji kuantitas dengan mesin *AE-Nano200 Nucleic Acid Analyzer®* untuk mengetahui konsentrasi dan kemurnian isolat DNA. DdH₂O ditetaskan diatas *pedestal submicroliter cell* sebanyak 1 µl. Panjang gelombang yang digunakan adalah 260 nm dan 280 nm. Sebanyak 1 µl sampel ditetaskan diatas *pedestal submicroliter* yang telah dibersihkan. Penutup ditutup diatas sampel yang telah ditetaskan dan ditekan tombol *sample*, setelah itu ditunggu hingga hasil uji keluar di layar monitor (Nanodrop Technologies, 2007).

Dilakukan uji kualitas DNA untuk mengetahui ukuran *whole genom* dari sampel yang digunakan menggunakan elektroforesis. Marker yang digunakan yaitu DNA marker berukuran 1 kb. Diatur nilai tegangan 400 volt, arus listrik 100mA dan waktu 35 menit. Kemudian dilakukan proses *running elektroforesis*. Setelah proses *running* selesai, dibaca hasil *elektroforesis* dengan *UV-transiluminator gel doc* (Fatchiyah, 2008). Primer yang digunakan disesuaikan dengan *Conserved Domain* dari *Cytochrome-b Capra hircus*. Primer diperoleh dari database NCBI Genebank *Capra hircus* dengan *accession number* D84201.1. (Cytb_F) 5'GCAATTGCCA TAGTCCACCT'3 (*length*: 20 bp; T_m : 59,96 °C; GC : 55,0%) dan Reverse (Cytb_R) 5'GGATTTGCCGGGTATAG TT'3 (*length*: 20 bp; T_m : 59,96 °C; GC :

55,00%). Panjang produk dari primer ini yaitu 434 bp.

Proses Polymerase Chain Reaction

Komposisi *Cocktail PCR* yang digunakan yaitu primer *forward* 1 µl, primer *reverse* 1 µl, 2x Taq MasterMix 14 µl, sampel DNA 2 µl, dan *nuclease free water* 14 µl. Amplifikasi PCR terdiri dari lima tahap, yaitu pra-denaturasi waktu 4 menit dengan suhu 94 °C, denaturasi waktu 30 detik dengan suhu 94 °C, *annealing* waktu 30 detik dengan suhu 57,5 °C, ekstensi waktu 1 menit dengan suhu 72°C, dan post ekstensi waktu 7 menit dengan suhu 72°C. Siklus akan berulang sebanyak 35 (Fatchiyah, 2008). Hasil amplifikasi dilakukan elektroforesis untuk mengetahui apakah ukuran sampel sudah sesuai target. Konsentrasi dari gel agarosa yang digunakan yaitu 2%. Proses sekuensing DNA dilakukan dengan metode *Sanger sequencing*. Sekuensing dilakukan untuk melihat susunan basa nukleotida dari sampel. Analisa data dilakukan dengan menggunakan *software* MEGA.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil Isolasi DNA Kambing Senduro dan Peranakan Etawa

Hasil isolasi DNA yang diperoleh merupakan DNA total. Isolat DNA yang akan digunakan untuk amplifikasi DNA menggunakan PCR terlebih dahulu dilakukan uji kualitatif dan kuantitatif dan DNA.

Hasil uji kualitatif DNA elektroforesis yang baik ditunjukkan dengan pita DNA yang tebal dan tampak sedikit atau tidak ada *smear* jika divisualisasikan di atas sinar UV (Sauer *et al.*, 1998). Pada hasil uji kualitatif (**Gambar 1**) terlihat bahwa *band* DNA hanya keluar pada sumuran kedua (sampel SE1), sumuran kedelapan (sampel PE1), dan sumuran kesepuluh (PE3).

Isolat DNA yang tetap berada di dalam sumuran dapat disebabkan karena sumuran tidak terbentuk dengan sempurna, pemberian kuantitas isolat DNA yang berlebih, kontaminasi isolat DNA, dan terdapatnya *DNA binding proteins* yang

dapat memengaruhi migrasi DNA (Fermentas, 2015). Sumuran kedua, kedelapan, dan kesepuluh memiliki panjang *base pairs* 12,0 kb sehingga isolat DNA perlu dilakukan uji kuantitatif untuk mengetahui konsentrasi dan kemurnian isolat DNA. Pengukuran kuantitas DNA dilakukan dengan metode spektrofotometri menggunakan spektrofotometer pada panjang gelombang (λ) 260 dan 280 nm. Kemurnian DNA ditentukan dengan menghitung rasio absorbansi pada A260 dengan A280 (Ratio A260:A280). Molekul DNA dikatakan murni jika rasio absorbansinya berkisar antara 1,8 – 2,0. Nilai kemurnian dibawah 1,8 dapat disebabkan karena kontaminasi protein, fenol, dan senyawa lain. Nilai kemurnian diatas 2,0 dapat disebabkan karena kontaminasi RNA (Mustafa, *et al.*, 2016).

Amplifikasi Gen Cyt-b Dengan Metode PCR

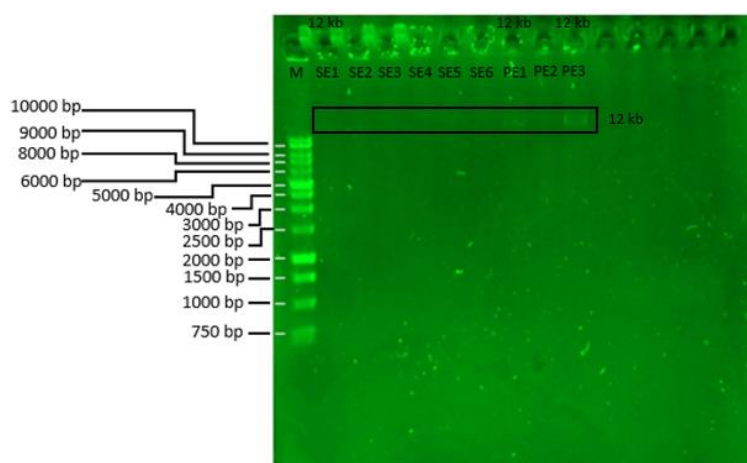
Penentuan primer yang digunakan disesuaikan dengan *Conserved Domain* dari *Cytochrome-b Capra hircus*. Conserved domain gen ini terletak di basa ke-1 hingga basa ke-379. Primer *forward* dan *reverse* yang digunakan dalam proses PCR didesain melalui NCBI dengan *database* NCBI *Genebank Capra hircus* : D84201.1. (Cytb_F) 5'GCAATTGCCAT AGTCCACCT'3 (*length*: 20 bp; Tm : 59,96

°C; GC : 55,0%) dan Reverse (Cytb_R) 5'GGATTTGCCGGGGTATAGTT'3 (*length*: 20 bp; Tm : 59,96 °C; GC : 55,00%) dan panjang target produk PCR yaitu 434 bp. Produk PCR hasil amplifikasi DNA dilakukan uji kualitatif kembali dengan menggunakan gel agarosa konsentrasi 2% Panjang produk PCR hasil amplifikasi pada **Gambar 3**. Pada pengamatan langsung, didapatkan adanya pita DNA dengan ukuran sesuai target amplifikasi dari primer *forward* dan *reverse* yaitu sepanjang ± 434 bp.

Variasi Genetik

Pada hasil penyejajaran sampel dengan referensi gen Cyt-b *Capra hircus* dapat didapati pula adanya mutasi. Mutasi merupakan peristiwa perubahan struktur materi genetik pada suatu organisme atau makhluk hidup yang mengakibatkan terjadinya perubahan sifat atau karakter suatu organisme (Warmadewi, 2013).

Terdapat adanya mutasi pada sampel berupa delesi, transisi dan tranversi. Delesi adalah jenis mutasi gen yang terjadi karena hilangnya satu atau beberapa basa nitrogen. Transisi terjadi ketika terdapat pertukaran antar pasangan basa nitrogen sesama purin atau sesama purimidin, sedangkan transversi terjadi ketika terdapat pertukaran antara pasangan basa nitrogen purin dengan purimidin atau sebaliknya (Warmadewi, 2013).



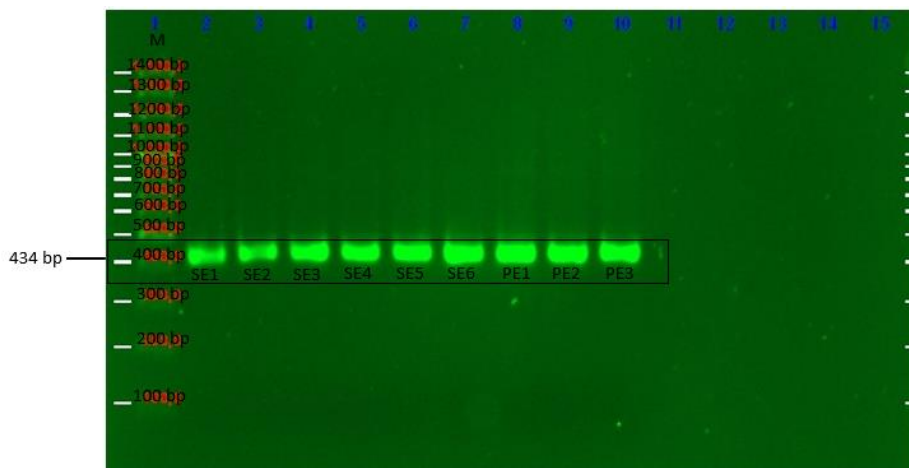
Gambar 1. Hasil elektroforesis DNA total. Keterangan: M: Marker, SE1, SE2, SE3, SE4, SE5, SE6, PE1, PE2, PE3: sampel Kambing.

Tabel 2. Konsentrasi dan Kemurnian DNA Kambing Senduro dan Kambing PE

Sampel	Konsentrasi (ng/μL)	Kemurnian (absorbansi 260/280)
SE1	88,72	0,56
SE2	187,69	0,65
SE3	-8,63	1,12
SE4	78,08	0,77
SE5	61,88	0,75
SE6	60,29	0,75
PE1	28,15	1,12
PE2	3,87	0,33
PE3	-3,85	-5,75

ATGACCAACAT **CCGAAAGACCC** ACCCATTAATAAAAAATTGTAAACAACGCATTTATTGACCTCCCAACCC
 CATCAAACATCTCATCATGATGAACTTTGGATCCCTCCTAGGAATTTGCCTAATCTTACAAATCCTGAC
 AGGCCATTTCTAGCAATACTATAACATCCGACACAATAACAGCATTTTCTCTGTAACCTCACATTTGT
 CGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGATACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTTCTTTATCTGCC
 TATTCATACATATCGGACGAGGTCTATATTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTTGGAGT
 AATCCTCCTGCTCGCGACAATGGCCACAGCATTCATAGGCTATGTCTACCATGAGGACAAATATCATT
 TGAGGGGCA **ACAGTCATCAC** CAATCTCCTCTCAGCAATCCCATATATTGGCACAAACCTAGTCGAATGAA
 TCTGAGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCTTCCACTTTATCCTCCCATT
 CATCATCACAGGCCTCGCCATAGTCCACCTGCTCTTCCCTCCAGAAACAGGATCGAACAACCCACAGGA
 ATCCATCAGACACAGATAAAAATCCATTTACCCCTTACTACACCATTAAAGATATCTTAGGGCCATGC
 TACTAATTCTTGTTCTAATACTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAATATAT
 CCCAGCAAATCCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTATTTGCATACGCAATC
 CTACGATCAATCCCCAACAACTAGGAGGAGTCTAGCCCTAGTCTCTCAATCCTAATCTTAGTACTTG
 TACCCTTCTCCACACATCTAAACAACGAAGCATAATATCCGCCAATCAGCCAATGCATATTCTGAAT
 CCTGGTAGCAGATCTATTAACACTCACATGAATTTGGAGGACAGCCAGTCGAACATCCCTACATTATTATT
 GGACAACTAGCATCTATTATATATTTCTCATCATTCTAGTAATAATACCAGCAGCTAGCACCATTGAAA
 ACAACCTTCTAAAATGAAGA

Gambar 2. Origin Olio Nukleotida Gen Cytochrome-b (*Accession number*: D84201.1), keterangan: Kuning: Primer forward, Hijau: Primer reverse, Abu-abu: *Region of interest* (*National Center for Biotechnology Information, 2018*)



Gambar 3. Hasil elektroforesis produk PCR. Keterangan: M: Marker, SE1, SE2, SE3, SE4, SE5, SE6, PE1, PE2, PE3: sampel Kambing. Sembilan sampel produk PCR menunjukkan adanya pita marker ±434 bp.

Jenis mutasi pada sampel SE1 merupakan *missense mutation*. Mutasi salah arti (*missense mutation*), yaitu perubahan suatu kode genetik (umumnya pada posisi 1 dan 2 pada kodon) sehingga menyebabkan asam amino yang terikat pada rantai polipeptida berubah (Pranaya, 2014), sedangkan jenis mutasi mutasi pada sampel SE2, SE3, SE4, SE5, SE6, PE1, PE2, PE3 berdasarkan perubahan kode genetik yang

terjadi termasuk kedalam *frameshift mutation*. Mutasi ini merupakan akibat penambahan atau kehilangan satu atau lebih nukleotida di dalam suatu gen (Warmadewi, 2013). Penelitian ini menunjukkan bahwa kambing Senduro dan Peranakan Etawa yang terdapat di BBIB Singosari memiliki variasi genetik yang tinggi jika dibandingkan dengan *database* NCBI *Capra hircus*: D84201.1.

Tabel 3. Variasi basa nukleotida pada sampel terhadap database NCBI *Capra hircus*: D84201.1

Sampel	Jenis Mutasi	Jumlah Mutasi	Total Kejadian Mutasi
SE1	Delesi	-	19
	Transisi	12	
	Transversi	7	
SE2	Delesi	3	18
	Transisi	7	
	Transversi	8	
SE3	Delesi	2	13
	Transisi	5	
	Transversi	6	
SE4	Delesi	2	14
	Transisi	5	
	Transversi	7	
SE5	Delesi	2	15
	Transisi	5	
	Transversi	8	
SE6	Delesi	2	15
	Transisi	6	
	Transversi	7	
PE1	Delesi	2	15
	Transisi	5	
	Transversi	8	
PE2	Delesi	2	16
	Transisi	6	
	Transversi	8	
PE3	Delesi	3	18
	Transisi	5	
	Transversi	10	

Keragaman genetik yang tinggi dapat disebabkan karena kondisi geografis yang berbeda antara Kambing Senduro dan PE dengan sampel pembanding yang digunakan.

KESIMPULAN

Pada hasil penyejajaran terdapat variasi basa nukleotida pada seluruh sampel terhadap database NCBI *Capra hircus*: D84201.1. Sampel SE1 mengalami *missense mutation*, dan sampel SE2, SE3, SE4, SE5, SE6, PE1, PE2, PE3 mengalami *frameshift mutation*. Penyejajaran menggunakan *pairwise distance* menunjukkan bahwa kambing Senduro dan PE yang dibandingkan dengan database NCBI *Capra hircus*: D84201.1 memiliki susunan basa nukleotida dengan variasi yang tinggi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Riset ini merupakan bagian dari Kegiatan Hibah Riset Renstra UB (2019) dan Riset Guru Besar Universitas Brawijaya an. Prof. Gatot Ciptadi, Fakultas Peternakan UB (2020). Ucapan terima kasih disampaikan pada pimpinan dan staff BBIB-Singosari yang telah memfasilitasi kegiatan riset ini.

DAFTAR PUSTAKA

Ciptadi, G., Ihsan, M. N., Budiarto, A., Mudawamah, M., Putri, A. I., & A Naufal, M. N. (2019). Reproductive characters of senduro goat at lumajang district east java. *Journal of Physics: Conference Series*, 1146, 012033. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1146/1/012033>

Dewanti, D. R., Kurnianto, E., & Sutopo, D. (2013). Variation of Blood Plasm Protein of Kejobong and Ettawa Grade Goats. *Animal Agriculture Journal*, 2(1), 269–276.

Fatchiyah. (2008). *Mengenal Polymerase Chain Reaction Dasar Teknik Amplifikasi DNA & Aplikasinya*. Universitas Brawijaya Press.

Fermentas Life Science. (2015). *Troubleshooting Guide for DNA Electrophoresis*.

Hernawati, T., Mulyati, S., & Oktanella, Y. (2016). Specific protein sperm membrane supplementation on freezing medium maintain post-thawed bull sperm quality. *Undefined*, 576–587.

Jegga. A. G. And B. J. Anorow. (2006). *Evolutionary Conserved Noncoding DNA*. In: eLS. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester.

Kurnianto, E. (2017). Sumber Daya Genetik Ternak Lokal. *Prosiding Seminar Teknologi Dan Agribisnis Peternakan V*.

Malik, G., Supriat Tasripin, D., & Budimulyati Salman, L. (2016). Performans reproduksi induk kambing perah peranakan etawa di kelompok peternak pangestu Desa Kemirikebo Kecamatan Turi Kabupaten Sleman Yogyakarta. *Students E-Journal*, 5(2).

Mustafa, Hasrida, Indra Rachmawati, Y. U. (2016). Pengukuran konsentrasi dan kemurnian DNA genom nyamuk anopheles barbirostris. *Jurnal Vektor Penyakit*, 10(1), 7–10. <https://doi.org/10.22435/vektor.v10i1.6251.7-10>

Nanodrop Technologies, I. (2007). *260/280 and 260/230 Ratios Nanodrop ND-1000 and ND-8000 8-Sample Spectrophotometers*. Nanodrop Technologies, Inc.

Pakpahan, S., Artama, W. T., Widayanti, R., & Gede Suparta, I. (2016). Genetic characteristics and relationship in different goat populations of indonesia based on cytochrome B gene sequences. *Asian Journal of Animal Sciences*, 10(1), 29–38. <https://doi.org/10.3923/ajas.2016.29.38>

Sauer, P.M., Muller, K. J. (1998). Quantitation DNA. *Qiagen News*, 2, 23–26.

Shija, D. S., Mtenga, L. A., Kimambo, A. E., Laswai, G. H., Mushi, D. E., Mgheni, D. M., Mwilawa, A. J., Shirima, E. J. M., & Safari, J. G. (2013). Preliminary

evaluation of slaughter value and carcass composition of indigenous sheep and goats from traditional production system in Tanzania. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 26(1), 143–150. <https://doi.org/10.5713/ajas.2012.12431>

Susmiarsih, T. (2010). Peran genetik DNA mitokondria (mtDNA) pada motilitas spermatozoa. *Majalah Kesehatan PharmaMedika*, 178–184.

Warmadewi, D. A. (2017). *Buku Ajar Mutasi Genetik*. Universitas Udayana Denpasar.