

**IDENTIFIKASI KERAGAMAN GENETIK
GEN INHIBIN SUBUNIT ALPHA (INHA) DAN INHIBIN SUBUNIT
BETA A (INHBA) PADA SAPI PERANAKAN ONGOLE (PO)**

*Identification of Genetic Diversity of Inhibin Subunit Alpha (INHA)
and Inhibin Subunit Beta A (INHBA) Gene in Ongole Crossbred Cattle*

Rafika Febriani Putri¹⁾, Chairdin Dwi Nugraha¹⁾, Ahmad Furqon¹⁾, Wike Andre Septian¹⁾,
Suyadi*¹⁾

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

*Corresponding author: suyadi@ub.ac.id

Submitted 11 Desember 2020, Accepted 29 Mei 2021

ABSTRAK

Gen Inhibin berperan dalam mengatur proliferasi sel, pertumbuhan kelenjar adrenal, hematopoiesis dan metabolisme tulang. Inhibin subunit alpha juga diketahui memiliki dampak yang signifikan terhadap berat badan, panjang tubuh dan lingkaran badan. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman gen INHA dan INHBA pada Sapi PO yang berturut-turut sebanyak 68 ekor sapi PO yang berasal dari UPT PT HMT Tuban dan 11 ekor sapi PO BBIB Singosari. Metode pendeteksian keragaman gen menggunakan metode *sequencing*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa pada sapi PO populasi UPT Tuban ditemukan tiga genotipe (AA, AB dan BB) pada fragmen gen INHA dan INHBA, sapi PO populasi BBIB Singosari memiliki satu genotipe (AA) pada fragmen gen INHA serta dua genotipe (AA dan BB) pada fragmen gen INHBA. Berdasarkan hasil tersebut dapat disimpulkan bahwa gen INHA dan INHBA pada sapi PO populasi UPT Tuban dalam kondisi beragam (polimorfik). Informasi dalam penelitian ini dapat dijadikan dasar atau landasan dalam memulai program seleksi dan perkawinan sapi potong lokal Indonesia berbasis teknologi molekuler.

Kata kunci: Keragaman, gen INHA, gen INHBA, pertumbuhan, sapi PO

*How to cite : Putri, R. F., Nugraha, C. D., Furqon, A., Septian. W. A., & Suyadi. (2021).
Identifikasi Keragaman Genetik Gen Inhibin Subunit Alpha (INHA) dan Inhibin
Subunit Beta A (INHBA) Pada Sapi Peranakan Ongole (PO). TERNAK TROPIKA
Journal of Tropical Animal Production Vol 22, No 1 (69-76)*

ABSTRACT

Inhibin genes play a role in regulating cell proliferation, adrenal gland growth, hematopoiesis and bone metabolism. Inhibin alpha subunit is also known to have a significant impact on body weight, body length and body circumference. This study aimed to identify the diversity of INHA and INHBA genes in PO cattle, which were 68 PO cattle from UPT PT HMT Tuban and 11 PO BBIB Singosari cattle, respectively. The method for detecting gene diversity is using the sequencing method. The results showed that the PO cattle population of UPT Tuban found three genotypes (AA, AB and BB) in the INHA and INHBA gene fragments, the PO cattle population BBIB Singosari had one genotype (AA) in the INHA gene fragment and two genotypes (AA and BB) on the INHBA gene fragment. Based on these results, it can be concluded that the INHA and INHBA genes in the PO cattle of the UPT Tuban population were in various (polymorphic) conditions. The information in this study can be used as the basis or foundation to start the breeding program for the Indonesia local cattle based on the molecular technology.

Keywords: Polymorphism, INHA gene, INHBA gene, growth, PO cattle

PENDAHULUAN

Usaha sapi pedaging memiliki fokus meningkatkan produksi daging untuk memenuhi kebutuhan masyarakat. Sapi pedaging diharapkan menghasilkan pertambahan bobot badan yang tinggi dan efisien, sehingga mampu meningkatkan nilai ekonomis melalui karkas dan daging dengan kuantitas dan kualitas sesuai standar. Sapi pedaging yang memiliki pertumbuhan cepat diharapkan menghasilkan pertambahan bobot badan yang tinggi dan efisien, sehingga dapat mencapai target bobot potong dalam waktu relatif singkat. Sapi yang mempunyai PBBH yang tinggi diharapkan memiliki efisiensi pakan yang tinggi pula karena pakan yang diberikan dapat dimanfaatkan oleh tubuh dengan maksimal.

Waktu pemeliharaan yang lebih singkat akan menghemat kebutuhan pakan dan permintaan konsumen akan terpenuhi (Suryani, Adiwiranti dan Purbowati, 2012). Sapi di Indonesia menunjukkan adanya perbedaan potensi genetik masing-masing bangsa yang nantinya akan berpengaruh terhadap bobot karkas yang dihasilkan. Sapi di Indonesia yang memiliki persentase karkas yang tinggi di antaranya adalah sapi Bali dan PO yang mempunyai potensi genetik dalam konformasi tubuh lebih tinggi

dari sapi yang lainnya. Faktor lingkungan dan genetik sangat mempengaruhi komposisi karkas ternak (Carvalho, Soeparno dan Ngadiyono, 2010). Seiring dengan kemajuan teknologi, semakin mudah untuk mendapatkan sapi yang memiliki pertumbuhan baik melalui seleksi berbasis molekuler.

Teknologi seleksi yang kini telah banyak dimanfaatkan adalah MAS (Marker Assisted Selection) yaitu seleksi berdasarkan marka genetik yang memungkinkan kegiatan seleksi dilakukan sejak dini dan hasil yang diperoleh lebih akurat. Gen penyandi yang berpotensi digunakan sebagai dasar seleksi berbasis molekuler diantaranya adalah gen Inhibin. Gen inhibin termasuk dalam super family *transforming growth factor* (TGF)- β , mengkode glikoprotein yang disekresikan terutama dari gonad. Inhibin berfungsi menghambat sekresi FSH dari hipofisis, sehingga mengontrol perkembangan dan fungsi gonad (Pillai and Venkatachalapathy, 2020).

Inhibin juga berperan dalam mengatur proliferasi sel, pertumbuhan kelenjar adrenal, hematopoiesis dan metabolisme tulang (Perrien et al., 2007). Penelitian Pillai dan Venkatachalapathy (2020) mengungkapkan dampak yang signifikan

dari genotipe INHA pada berat badan, panjang tubuh dan lingkaran dada. Inhibin ditemukan meningkatkan massa dan kekuatan tulang dengan merangsang pembentukan osteoblas pada model tikus transgenik yang digunakan untuk ekspresi inhibin manusia yang diturunkan dari hati (Perrien et al., 2007) yang mungkin terkait dengan pertumbuhan. Inhibin beta A (INHBA) sebagai kandidat fertilitas (Giesecke et al., 2010). INHBA memiliki hubungan yang signifikan dengan sifat kualitas sperma dan tingkat abnormalitas sperma (Lin et al., 2006). Kadar plasma inhibin B digunakan sebagai penanda spermatogenesis dan fertilitas pada jantan (Kumanov et al., 2006).

Penelitian Sang et al. (2011) INHBA mendeteksi secara imunohistokimia pada sel sertoli, sel myoid peritubular, sel leydig, gonosit dan sel endotel pada testis tikus. Tujuan penelitian ini adalah untuk mempelajari keragaman gen INHA dan INHBA pada sapi PO.

Informasi ini penting sebagai salah satu informasi dasar dalam rangka melengkapi kerangka kerja genetika molekuler dalam upaya perbaikan mutu genetik, strategi pengembangan dan penentuan kebijakan pengembangan sapi PO agar pemanfaatannya bisa berjalan secara berkelanjutan.

MATERI DAN METODE

Lokasi dan Waktu Penelitian

Lokasi pengambilan sampel darah sapi ditentukan secara sengaja (*purposive*) di Unit Pembibitan Ternak dan Hijauan Makanan Ternak (UPT-PT HMT) Tuban, Jawa Timur dan Balai Besar Inseminasi Buatan (BBIB) Singosari, Malang, Jawa Timur. Penelitian laboratorium dilakukan di Laboratorium Bioteknologi Fakultas Peternakan Universitas Brawijaya.

Materi

Materi penelitian adalah 79 ekor sapi PO yang terdiri dari 68 ekor sapi PO UPT-PT HMT Tuban dan 11 ekor sapi PO yang berasal dari BBIB Singosari.

Metode

Metode penelitian ini bersifat studi kasus berdasarkan wilayah pengambilan sampel darah sapi pada kegiatan lapang dan dilanjutkan pada penelitian di laboratorium. Peralatan yang digunakan dalam penelitian laboratorium meliputi *sentrifuge*, PCR, mikropipet (ukuran 10 μ L, 100 μ L dan 1000 μ L), *magnetic stirrer*, *vortex*, timbangan analitik, alat elektroforesis, *tube* PCR, *micro tube*, gelas ukur dan tips berbagai ukuran.

Pengambilan dan Penanganan Sampel

Sampel darah ternak diambil sebanyak 6 ml melalui vena jugularis yang kemudian disimpan dalam tabung EDTA. Sampel disimpan di *ice box* yang berisi *ice pack* selama proses pengambilan darah di lapang. Selanjutnya, tabung EDTA berisi darah disimpan di refrigotor suhu 4°C hingga sesaat sebelum dilakukan ekstraksi DNA.

Ekstraksi DNA

Ekstraksi sampel darah sapi menggunakan DNA kit untuk mendapatkan sampel DNA dan mengikuti prosedur dari DNA kit yang digunakan, yaitu *Genomic DNA Mini Kit* (Geneaid, Taiwan). Visualisasi hasil ekstraksi DNA dilakukan dengan metode elektroforesis menggunakan gel *agarose* dan dilihat secara visual menggunakan sinar Ultra Violet (UV).

Amplifikasi Gen INHA dan INHBA

Urutan panjang basa yang diapit oleh primer di amplifikasi menggunakan mesin *thermocycler* dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Primer yang digunakan untuk mengamplifikasi gen INHA dan INHBA berdasarkan penelitian Sang et al. (2011). Desain primer disajikan pada Tabel 1.

Komponen pereaksi yang digunakan untuk amplifikasi ruas gen INHA dan INHBA adalah 1 μ l sampel DNA, masing-masing primer 0,3 μ L, NFW 14,4 μ L, taq polymerase 15 μ L dan bufernya dalam larutan total 30 μ l. Proses amplifikasi dilakukan pada mesin thermal cycler dengan kondisi mesin sebagai berikut: denaturasi awal pada suhu 95°C selama 5 menit, 35 siklus terdiri atas denaturasi pada suhu 95°C

selama 10 detik, penempelan primer pada suhu 60°C untuk INHA dan 58°C INHBA selama 20 detik dan pemanjangan DNA baru

pada suhu 72°C selama 30 menit, dan pemanjangan akhir pada suhu 72°C selama 5 menit.

Tabel 1. Desain primer gen INHA dan INHBA

Gen	Primer	
	Forward	Reverse
INHA	CTATG TGGCT TCAGC TGCTC	GGTCT GGGAT TCAAC CCAAC
INHBA	GTTTC AGAAG TTGGC CTGTG	GAATC CAGTA CTCCC CTTTG

Sequencing

Sequencing gen INHA dan INHBA dilakukan menggunakan mesin *sequencing* (ABI Prims 3100-Avant Genetic Analyzer) di perusahaan *sequencing* 1st Base, Selangor, Malaysia. Proses *sequencing* dilakukan dengan metode Sanger. Produk PCR dimasukkan ke dalam tabung *Eppendorf* sebanyak 20 µl dan sepasang primer sebanyak 200 µl.

Analisis Data

Frekuensi alel merupakan rasio relatif suatu alel terhadap keseluruhan alel pada suatu lokus dalam populasi. Frekuensi alel dihitung menggunakan rumus Nei & Kumar (2000).

$$x_{ii} = \frac{2n_{ii} + \sum n_{ij}}{2N}$$

Keseimbangan Hardy-Weinberg (H-W) diuji dengan uji khi-kuadrat (Kaps & Lamberson, 2004), dengan χ^2 adalah uji khi-kuadrat, obs adalah jumlah pengamatan genotipe ke-i, dan exp adalah jumlah harapan genotipe ke-i.

$$\chi^2 = \sum \frac{(obs - exp)^2}{exp}$$

HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi gen INHA dan INHBA

Amplifikasi gen INHA dan INHBA pada sapi PO yang berasal dari 2 populasi berbeda berhasil diamplifikasi menggunakan metode PCR. Panjang produk PCR pada gen INHA adalah 358 bp dan terletak di Exon 1. Panjang produk PCR pada gen INHBA adalah 330 bp dan terletak di Intron 1. Identifikasi keragaman pada

penelitian ini menggunakan teknik *sequencing*.

Tujuan identifikasi ini adalah mengungkap polimorfisme gen INHA dan INHBA pada sapi PO di dua populasi berbeda. Frekuensi genotip dan alel, serta keseimbangan genetik dihitung berdasarkan distribusi genotip yang bersifat polimorfik dari gen yang diamati (Volkandari, Hartatik dan Sumadi, 2013).

Deteksi keragaman gen INHA dan INHBA

Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada populasi sapi PO di UPT Tuban dan BBIB Singosari ditemukan dua alel yaitu alel A dan alel B. Pada deteksi keragaman gen INHA sapi PO di UPT Tuban ditemukan 3 jenis genotip, yaitu genotip AA, AB dan BB. Sementara di populasi yang berasal dari BBIB Singosari hanya ditemukan 2 genotip yaitu AA dan BB. Hal ini terjadi karena jumlah sampel yang diteliti di BBIB Singosari lebih sedikit dibandingkan dengan populasi sapi PO di UPT Tuban, sehingga tingkat keragaman genetik sangat rendah.

Nilai heterozigositas digunakan untuk mengukur keragaman genetik dari suatu populasi. Nilai heterozigositas pengamatan (Ho) dan heterozigositas harapan (He) dihitung berdasarkan rumus Nei & Kumar (2000). Nilai heterozigositas harapan (He) umumnya merupakan indikator yang baik sebagai penciri genetik yang dapat menerangkan keragaman genetik pada suatu populasi (Prihandini dkk., 2019). Menurut Zulkharnaim *et al.* (2010) nilai heterozigositas pengamatan (Ho) dan heterozigositas harapan (He) digunakan

sebagai pendugaan untuk mendapatkan keragaman genetik dalam populasi. Hal ini dapat membantu program seleksi pada ternak yang bertindak sebagai sumber genetik pada generasi berikutnya. Selain itu,

nilai heterosigositas juga digunakan sebagai salah satu penanda yang menunjukkan tinggi rendahnya tingkat persilangan di suatu lokasi penelitian (Moioli et al. 2004; Marson et al. 2005).

Tabel 2. Jumlah masing-masing genotip sapi PO pada gen INHA dari populasi berbeda

Populasi	Jumlah sampel (n)	Genotip AA (n)	Genotip AB (n)	Genotip BB (n)
UPT Tuban	68	63	2	3
BBIB Singosari	11	11	0	0
Total	79	74	2	3

Tabel 3. Jumlah masing-masing genotip sapi PO pada gen INHBA dari populasi berbeda

Populasi	Jumlah sampel (n)	Genotip AA (n)	Genotip AB (n)	Genotip BB (n)
UPT Tuban	68	36	2	30
BBIB Singosari	11	8	0	3
Total	79	44	2	33

Tabel 4. Nilai Heterozigositas pengamatan (H_o) dan Nilai Heterozigositas harapan (H_e) Gen INHA pada Sapi PO di Populasi Berbeda

Poulasi	n	H_o	H_e
UPT Tuban	68	0,030	0,112
BBIB Singosari	11	0	0

Tabel 5. Nilai Heterozigositas pengamatan (H_o) dan Nilai Heterozigositas harapan (H_e) Gen INHBA pada Sapi PO di Populasi Berbeda

Poulasi	n	H_o	H_e
UPT Tuban	68	0,029	0,496
BBIB Singosari	11	0	0,398

Nilai H_o pada gen INHA sapi PO di UPT Tuban lebih kecil dibandingkan dengan nilai H_e yang mengindikasikan keragaman genetik gen INHA pada rumpun sapi PO masih cukup rendah. Hasil yang sama juga diperoleh pada gen INHBA dimana nilai H_o lebih kecil dibandingkan dengan nilai H_e . Menurut Agung dkk. (2017) hal ini dapat disebabkan oleh terjadinya proses seleksi dan introduksi pejantan baru yang kurang pada suatu populasi sehingga menyebabkan keragaman genetik yang rendah.

Identifikasi Frekuensi Genotip dan Alel

Frekuensi genotip dan alel dari gen INHA dan INHBA sapi PO di dua populasi

berbeda pada penelitian ini diperoleh hasil seperti pada Tabel 6 dan 7. Identifikasi frekuensi genotip dan alel adalah untuk mengetahui apakah suatu populasi telah terjadi seleksi atau tidak. Pengaturan untuk meningkatkan peluang munculnya genotipe yang diinginkan dan menurunkan peluang munculnya genotipe yang tidak diinginkan dapat dilakukan melalui proses seleksi dan pengaturan perkawinan.

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa frekuensi alel A gen INHA yang tinggi 0,941 dan frekuensi alel B yang rendah (0,059) pada sapi PO di UPT Tuban menunjukkan bahwa gen INHA bersifat polimorfik sesuai dengan Falconer &

Mackay (1996) yang menyatakan bahwa sebuah lokus polimorfik ditandai dengan salah satu frekuensi alelnya kurang dari 0,99. Berbeda dengan populasi sapi PO di BBIB Singosari yang bersifat monomorfik, dimana hanya ditemukan sapi dengan alel A. Hasil penelitian Sang *et al.* (2011) menyebutkan bahwa pada penelitian di sapi pejantan Holstein Cina ditemukan tiga genotipe bernama: AA (123, 95 dan 31 bp), AG (123, 95, 79, 44 dan 31 bp), dan GG (95, 79, 44 dan 31 bp). Frekuensi genotipe AG jauh lebih tinggi daripada GG. Frekuensi alel A dan G pada populasi yang dianalisis adalah 0,691 dan 0,301. Frekuensi genotipe gen INHA pada populasi kambing Kacang pada penelitian Dagong *et al.* (2020) masing-masing sebesar 86,86% dan 13,14% untuk genotipe GG dan AG, sedangkan genotipe AA tidak ditemukan pada populasi

kambing Kacang. Frekuensi alel G pada kambing Kacang dominan sebesar 93,43%. Pada populasi peranakan Etawa frekuensi genotipe GG, AG dan AA berturut-turut adalah 84,87%, 13,45% dan 1,68%.

Hasil penelitian berdasarkan perhitungan Frekuensi alel pada gen INHBA menunjukkan bahwa gen INHBA pada populasi sapi PO di UPT Tuban dan BBIB Singosari bersifat polimorfik. Pada penelitian sapi pejantan Holstein Cina oleh Sang *et al.* (2011) menghasilkan tiga genotipe yaitu CC (150 dan 138 bp), CT (288, 150 dan 138 bp), dan TT (288 bp). Namun tidak terdapat perbedaan yang signifikan pada frekuensi genotip CC, CT dan TT, dan frekuensi alel alel C dan T adalah 0,492 dan 0,508 pada populasi yang dianalisis.

Tabel 6. Frekuensi alel dan genotipe sapi PO berdasarkan gen INHA

Populasi	n	Genotipe			Alel	
		AA	AB	BB	A	B
UPT Tuban	68	0,926	0,030	0,044	0,941	0,059
BBIB Singosari	11	1	0	0	1	0

Tabel 7. Frekuensi alel dan genotipe sapi PO berdasarkan gen INHBA

Populasi	n	Genotipe			Alel	
		AA	AB	BB	A	B
UPT Tuban	68	0,530	0,030	0,440	0,544	0,456
BBIB Singosari	11	0,727	0	0,273	0,727	0,273

Informasi keragaman gen INHA dan INHBA pada ternak sapi lokal Indonesia, khususnya sapi PO dapat digunakan sebagai dasar untuk melakukan validasi marker genetik melalui analisis lanjutan. Dibutuhkan penelitian lebih lanjut tentang asosiasi genotipe gen INHA dan INHBA dengan berbagai parameter produktivitas ternak yang bernilai ekonomis.

KESIMPULAN

Polimorfisme gen INHA dan INHBA ditemukan pada populasi sapi PO di UPT PT HMT Tuban dengan frekuensi alel A lebih besar dibandingkan alel B. Populasi sapi

Limura dalam keadaan keseimbangan genetik. Keragaman genetik gen INHA dan INHBA pada rumpun sapi PO masih cukup rendah.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kepala dan seluruh staf UPT PT HMT Tuban dan Balai Besar Inseminasi Buatan (BBIB) Singosari atas bantuan teknis di lapangan.

DAFTAR PUSTAKA

Agung, P. P., Anwar, S., Putra, W. P. B., & Said, S. (2017). Keragaman gen

- Growth Hormone (GH) pada beberapa rumpun sapi lokal Indonesia. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon*, 3(3), 304–308.
- Dagong, M. I. A., Bugiwati, S. R. A., Rahim, L., & Purnomo, N. (2020). Genetics polymorphisms of inha in local goat populations in south-west sulawesi region of indonesia. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 15(1), 43–47. <https://doi.org/10.3844/ajavsp.2020.43.47>
- De Carvalho, M. D. C., Soeparo, S., & Ngadiyono, N. (2012). Pertumbuhan dan Produksi Karkas Sapi Peranakan Ongole dan Simmental Peranakan Ongole Jantan yang Dipelihara secara Feedlot. *Buletin Peternakan*, 34(1), 38–46.
- Falconer, D., & Mackay, T. F. C. (1997). *Introduction to quantitative genetics*, Longman. Addison Wesley Longman Limited.
- Giesecke, K., Hamann, H., Sieme, H., & Distl, O. (2010). INHBA-Associated markers as candidates for stallion fertility. *Reproduction in Domestic Animals*, 45(2), 342–347. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2008.01325.x>
- Kaps, M., & Lamberson, W. R. (2004). *Biostatistics for Animal Science*. CABI Publishing.
- Kumanov, P., Nandipati, K., Tomova, A., & Agarwal, A. (2006). Inhibin B is a better marker of spermatogenesis than other hormones in the evaluation of male factor infertility. *Fertility and Sterility*, 86(2), 332–338. <https://doi.org/10.1016/j.fertnstert.2006.01.022>
- Lin, C. L., Ponsuksili, S., Tholen, E., Jennen, D. G. J., Schellander, K., & Wimmers, K. (2006). Candidate gene markers for sperm quality and fertility of boar. *Animal Reproduction Science*, 92(3–4), 349–363. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2005.05.023>
- Marson, E. P., Ferraz, J. B. S., Meirelles, F. V., Balieiro, J. C. de C., Eler, J. P., Figueiredo, L. G. G., & Mourão, G. B. (2005). Genetic characterization of European-Zebu composite bovine using RFLP markers. *Genetics and Molecular Research: GMR*, 4(3), 496–505.
- Moioli, B., Napolinto, F., & Catalilo, G. (2004). Genetic Diversity between Piedmontese, Maremmana, and Podolica Cattle Breeds. *Journal of Heredity*, 95(3), 250–256. <https://doi.org/10.1093/jhered/esh032>
- Nei, Masatoshi & Kumar, S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. *Genetic Research*, 86(3), 117–120.
- Perrien, D. S., Akel, N. S., Edwards, P. K., Carver, A. A., Bendre, M. S., Swain, F. L., Skinner, R. A., Hogue, W. R., Nicks, K. M., Pierson, T. M., Suva, L. J., & Gaddy, D. (2007). Inhibin A is an endocrine stimulator of bone mass and strength. *Endocrinology*, 148(4), 1654–1665. <https://doi.org/10.1210/en.2006-0848>
- Pillai, H. B., & Thirupathy Venkatachalapathy, R. (2020). Association of inhibin alpha gene polymorphism with litter size and growth in Malabari goats of India. *Small Ruminant Research*, 192, 106188. <https://doi.org/10.1016/j.sma.2020.106188>
- Prihandini, P., Primasari, A., Luthfi, M., Pamungkas, D., & Wibowo, T. B. (2019). Identifikasi Keragaman Gen Follicle Stimulating Hormone SubUnit Beta (FSH- β) pada Tiga Sumber Daya Genetik Sapi Lokal Indonesia. *Prosiding Semnas TPV*, 171–179.
- Sang, L., Du, Q. Z., Yang, W. C., Tang, K. Q., Yu, J. N., Hua, G. hua, Zhang, X. X., & Yang, L. G. (2011). Polymorphisms in follicle stimulation hormone receptor, inhibin alpha, inhibin bata A, and prolactin genes, and their association with sperm quality in Chinese Holstein bulls.

- Animal Reproduction Science*, 126(3–4), 151–156. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2011.04.023>
- Suryani, A., Adiwiranti, R., & Purbowat, E. (2012). Potongan Komersial Karkas dan Edible Portion pada Sapi Peranakan Ongole (PO) yang Diberi Pakan Jerami Urinasi dan Konsentrat dengan Level yang Berbeda. *Animal Agricultural Journal*, 1(1), 123–132.
- Vulkandari, S. D., Hartatik, T., & (Sumadi), S. (2013). Polimorfisme Gen Growth Hormone (GH) Pada Sapi Limura (Growth Hormone (GH) Gene Polymorphism Of Limura Cattle). *Buletin Peternakan*, 37(2), 67–73. <https://doi.org/10.21059/buletinpeternak.v37i2.2423>
- Zulharnaim, Z., Jakaria, J., & Noor, R. R. (2010). Identifikasi Keragaman Genetik Gen Reseptor Hormon Pertumbuhan (GHR|Alu I) pada Sapi Bali. *Media Peternakan*, 33(2), 81–87. <https://doi.org/10.5398/medpet.2010.33.2.81>