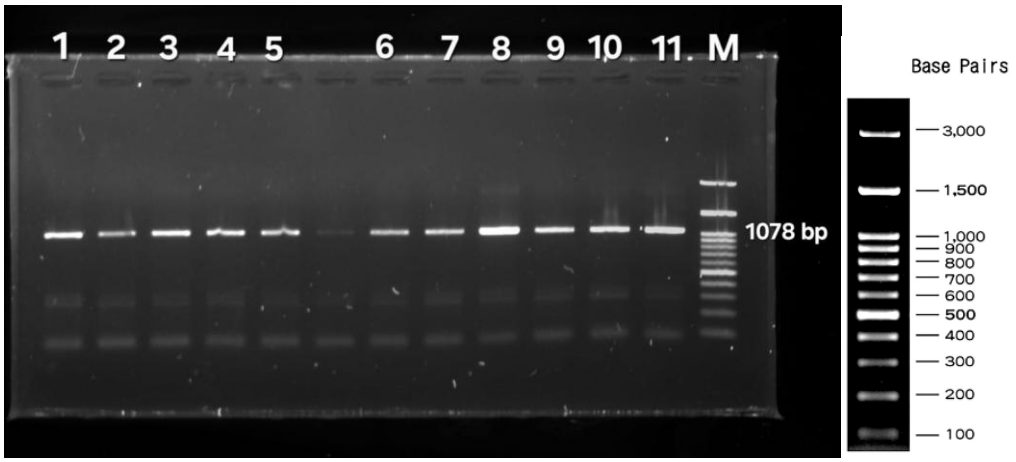
BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1. Hasil Amplifikasi Gen MSTN Domba Dorper

Proses amplifikasi DNA melalui teknik PCR pada gen MSTN domba Dorper berhasil dilaksanakan menggunakan perangkat Bio-Rad T100 dan diperoleh produk PCR dengan ukuran 1078 bp. Ukuran tersebut mencakup wilayah parsial intron 2 dan ekson 3 dan sesuai dengan target simulasi primer blast menggunakan sepasang primer spesifik (F: 5'-CAA AGT TGG TGA GAC GGC AG-3' dan R: 5'-CCT TTG GGG TTT GCT TGG TG-3'). Visualisasi gen MSTN yang berhasil diamplifikasi dapat dilihat pada Ilustrasi 3.



Ilustrasi 3. Hasil Elektroforesis Amplifikasi Gen MSTN

Keberhasilan proses amplifikasi ini mengindikasikan bahwa parameter teknis yang diterapkan, seperti kualitas DNA template, durasi waktu denaturasi, serta optimasi suhu annealing pada 55,9°C telah sesuai. Menurut Aliyya *et al*. (2020)

proses amplifikasi dipengaruhi oleh berbagai parameter teknis, meliputi kualitas sampel, durasi amplifikasi dan denaturasi, serta akurasi suhu dan konsentrasi primer yang diaplikasikan.

4.2. Hasil Sekuensing Gen MSTN Domba Dorper

Proses sekuensing dilakakukan di PT. Genetika Science Indonesia. Setelah dilakukan pemangkasan (*trimming*) menggunakan perangkat lunak MEGA 12 dihasilkan sekuen bersih sepanjang 959 bp. Proses pemangkasan (*trimming*) menggunakan perangkat lunak MEGA 12 dapat dilihat pada Lampiran 1. Dari total 50 sampel yang dikirim, terdapat 8 sampel yang muncul *noise* pada kromatogram sehingga tidak disertakan dalam analisis lebih lanjut. Hambatan teknis yang sering ditemui saat menganalisis kromatogram sekuensing Sanger adalah adanya *noise* pada kromatogram. Gangguan ini dapat menyebabkan kesalahan pembacaan basa dan mengaburkan perbedaan antara sinyal asli dengan gangguan latar belakang (Al-Shuhaib dan Hashim, 2023). Sejumlah 42 sampel yang valid kemudian dianalisis untuk proses penyelarasan (*alignment*). Hasil *alignment* dapat dilihat pada lampiran 5. Selanjutnya dilakukan analisis *Polymorphic Sites* dengan menggunakan DnaSP. Pada Tabel 2 disajikan data hasil analisis sekuens MSTN.

Tabel 2. Data Analisis Sekuen MSTN Domba Dorper

Gen	Panjang Produk PCR*	Panjang Sekuens yang Dianalisis	S	Si	Pa
		…..(bp)…..			
Myostatin (MSTN)	1078*	959	1	0	1

*: panjang sekuens gen berdasarkan *primer blast*; S: Segregating site; Si: Singleton; Pa: Parsimony

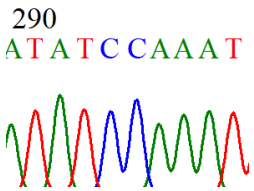
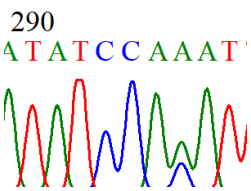
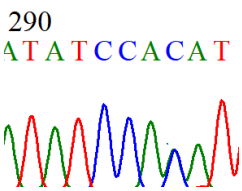
Berdasarkan sekuens tersebut, ditemukan 1 *segregation site*. *Segregation site* merujuk pada posisi spesifik dalam sekumpulan urutan DNA homolog yang menunjukkan variasi nukleotida di antara individu atau sampel yang dibandingkan (Fu, 1995). *Segregation site* yang ditemukan tergolong dalam kategori *Parsimony site*. Posisi nukleotida diklasifikasikan sebagai situs *parsimony-informative* apabila memiliki sekurang-kurangnya dua jenis basa nitrogen yang berbeda, masing-masing jenis tersebut muncul minimal dua kali dalam kelompok sekuens yang dibandingkan (Zusriadi *et al.,*2025). *Polimorfisme* pada gen MSTN, khususnya pada wilayah intron, telah diidentifikasi pada ras domba Mesir yang berasosiasi terhadap bobot badan dan PBBH (Osman *et al*., 2021).

4.3. Keragaman Genetik

Berdasarkan hasil analisis MEGA ditemukan adanya keragaman genetik gen MSTN pada domba Dorper yaitu pada situs 350 atau g.5334 (A>C). Mutasi pada g.5334 A>C dapat diartikan bahwa terdapat perubahan nukleotida dari adenin ke sitosin. Angka 350 menunjukkan titik mutasi dari total sekuen DNA sepanjang 959 bp. Mutasi ini terjadi akibat perubahan basa nitrogen dari *adenin* menjadi sitosin. Mutasi titik terjadi ketika perubahan hanya mengenai satu nukleotida atau bagian kecil dari suatu gen (Febriana *et al*., 2015). Mutasi tersebut tergolong dalam mutasi transversi atau perubahan basa nitrogen dari basa *purin* ke basa *pirimidin* atau sebaliknya. Mutasi transversi adalah substitusi basa yang memiliki struktur yang berbeda seperti perubahan *purin* ke *pirimidin* atau sebaliknya (Aliyya *et*

al.,2020). Pada Tabel 3 disajikan Situs mutasi, Kromatogram dan Jenis Mutasi Gen MSTN.

Tabel 3. Situs mutasi, Kromatogram dan Jenis Mutasi Gen MSTN

Situs Mutasi	Kromatogram			Jenis Mutasi
	AA	AC	CC	
				
350 g.5334 * A>C	Sampel D33, D35, D37, D39, D72, D75, D91, 92, D111, D14, D15, D40, D102, D115, D99, D48, D2, D3, D6, D12, D16, D19, D23, D73, D49, D66, D77, D90, D63, D96, D98, DJ3, DJ6 dan DJ7	Sampel D11, DJ23, D107, D47, DJ35 dan D34	Sampel DJ15 dan DJ1	Transversi

Keterangan: *: Urutan Berdasarkan Genebank (Accession Number: MH025940)

Tabel 3 menunjukkan adanya 3 genotipe meliputi AA, AC dan CC. Genotipe ini diperoleh dari pembacaan hasil penyelarasan (*alignment*) dan kromatogram. Genotipe AA diperoleh dari kromatogram yang menunjukkan gelombang hijau tunggal, genotipe AC diperoleh dari kromatogram yang menunjukkan gelombang ganda yang terdiri dari gelombang hijau dan biru, genotipe CC diperoleh dari kromatogram yang menunjukkan gelombang biru tunggal.

Pada penelitian ini, mutasi MSTN ditemukan pada bagian Intron 2 atau bagian dari DNA *non-coding* sehingga perlu penelitian lebih lanjut untuk mengetahui pengaruhnya terhadap aktivitas gen MSTN. Variasi pada wilayah intron dapat mengurangi atau menghentikan produksi mRNA sehingga protein yang

dibutuhkan sel tidak pernah dibuat (Shaul, 2017). Variasi genetik yang berada di dalam daerah intron berpotensi mengganggu mekanisme *splicing* mRNA, yang pada akhirnya dapat mengubah susunan asam amino dari protein yang dihasilkan melalui proses transkripsi, meskipun perubahan ini tidak terjadi secara langsung pada daerah pengkode gen (Farhadian dan Hashemi, 2016). Menurut Jeanplong *et al.* (2013) *Alternative splicing* pada pra-mRNA memfasilitasi pembentukan beragam transkrip mRNA yang berbeda, sehingga memungkinkan satu gen tunggal untuk menghasilkan berbagai varian protein dengan struktur dan fungsi yang berbeda. *Alternative splicing* pada pra-mRNA gen MSTN telah dilaporkan Jeanplong *et al.* (2013) pada domba New Zealand Roemany yang menyebabkan delesi sejumlah 1011 bp dan juga dilaporkan Bouyer *et al.* (2014) pada sapi Blonde d'Aquitaine Bull (BAB) yang menyebabkan insersi sejumlah 41 bp.

4.4. Frekuensi Genotipe

Analisis frekuensi genotipe dilakukan untuk mengetahui distribusi genotipe gen MSTN pada populasi domba Dorper yang diamati. Frekuensi genotipe dihitung berdasarkan perbandingan genotipe tertentu terhadap jumlah individu dengan total sampel yang digunakan. Hasil perhitungan frekuensi genotipe pada titik mutasi g.5334 (A>C) disajikan pada Tabel 4.

Tabel 4. Frekuensi Genotipe Gen MSTN Domba Dorper

Titik Mutasi	Genotipe	Jumlah	Frekuensi
g.5334*	AA	34	0,81
(350) A > C	AC	6	0,14
	CC	2	0,05

Keterangan: *: Urutan Berdasarkan Genebank (Accession Number: MH025940).

Berdasarkan Tabel 4, mutasi g.5334 (A>C) menghasilkan tiga variasi genotipe: AA (81%), AC (14%), dan CC (5%). Genotipe AA merupakan yang paling dominan di antara total sampel, sedangkan genotipe CC memiliki frekuensi kemunculan paling rendah. Dominansi genotipe homozigot awal (AA) ini serupa dengan temuan Dehnavi *et al*. (2012) pada domba Zel, yang juga melaporkan adanya tiga variasi genotipe (AA, AB, dan BB) dengan frekuensi genotipe AA yang paling tinggi (73,5%).

Perbedaan frekuensi genotipe tersebut diduga berkaitan dengan variasi performa produksi ternak, sebagaimana dilaporkan pada beberapa penelitian asosiasi MSTN sebelumnya. Haynes *et al.* (2023) melaporkan bahwa pada anak domba, genotipe AA (homozigot mutan) memiliki bobot lahir yang lebih besar dibandingkan genotipe AG maupun GG (homozigot normal). Sejalan dengan hal tersebut, Boman *et al.* (2010) melaporkan bahwa domba homozigot mutan (delG/delG) memiliki laju pertumbuhan harian dan bobot sapih yang lebih rendah dibandingkan genotipe heterozigot (G/delG) maupun tipe normal (GG). Meskipun demikian, kelompok homozigot mutan tersebut secara signifikan menghasilkan bobot karkas yang lebih tinggi, massa otot yang lebih besar, serta kandungan lemak yang paling rendah.

4.5. Frekuensi Alel

Analisis frekuensi alel dilakukan untuk mengetahui proporsi masing-masing alel Gen MSTN yang terdapat dalam populasi domba Dorper yang diamati. Frekuensi alel dihitung berdasarkan jumlah kemunculan alel tertentu dibandingkan dengan total alel yang ada dalam populasi sampel. Hasil perhitungan frekuensi alel pada titik mutasi g.5334 (A>C) disajikan pada Tabel 5.

Tabel 5. Frekuensi Alel Gen MSTN Domba Dorper

Titik Mutasi	Allel	Frekuensi
g.5334* (350) A > C	A	0,88
	C	0,12

Keterangan: *: Urutan Berdasarkan Genebank (Accession Number: MH025940)

Berdasarkan Tabel 5, terdapat dua alel pada titik mutasi g.5334, yakni alel A dan C dengan frekuensi alel A sebesar 0,88 dan alel C sebesar 0,12. Alel ini bersifat polimorfik karena frekuensi alel utamanya tidak melebihi 0,99. Hal ini sesuai dengan Aliyya *et al.* (2020) yang menyatakan bahwa dinyatakan sebagai polimorfik jika memiliki frekuensi alel ≤0,99 untuk populasi besar dan ≤0,95 untuk populasi kecil.

Pada penelitian domba Zel, hasil frekuensi alel menunjukkan proporsi alel A 75,5% dan alel B 24,5% (Dehnavi *et al*., 2012). Sementara itu, pada domba Colored Polish Merino, alel MSTN-A merupakan alel yang paling banyak ditemukan dengan frekuensi sebesar 87,7%, sementara alel MSTN-C menjadi alel dengan frekuensi paling rendah, yakni hanya sebesar 2,3% (Grochowska *et al*., 2020). Frekuensi alel mengalami perubahan sebagai konsekuensi dari mekanisme *genetic*

drift (pengambilan sampel acak alel yang diwariskan ke generasi berikutnya) dan seleksi (Wientjes *et al.,* 2024).

4.6. Heterozigositas dan Nilai Kesetimbangan Hardy Weinberg

Analisis heterozigositas dan kesetimbangan Hardy-Weinberg (HWE) dilakukan untuk mengetahui tingkat keragaman genetik serta stabilitas frekuensi genotipe Gen MSTN dalam populasi domba Dorper yang diamati. Heterozigositas dihitung berdasarkan proporsi individu heterozigot dalam populasi, sedangkan kesetimbangan HWE diuji menggunakan analisis Chi-kuadrat dengan membandingkan frekuensi genotipe yang diamati (*observed*) dengan frekuensi genotipe yang diharapkan (*expected*). Hasil analisis heterozigositas dan uji HWE pada titik mutasi g.5334 (A>C) disajikan pada Tabel 6.

Tabel 6. Heterozigositas dan Hardy Weinberg Equilibrium (HWE)

Titik Mutasi	Genotipe	N	Freq.	Obs.	Exp.	h	HWE
g.5334* (350) A > C	AA	34	0,80	34	32,6	20,97	$X^2 = 4,27^{ns}$
	AC	6	0,14	6	8,8		
	CC	2	0,05	2	0,6		

Keterangan: *: Urutan Berdasarkan Genebank (Accession Number: MH025940), N: Jumlah sampel, Freq: Frekuensi genotype, Obs: jumlah individu yang diamati, Exp: jumlah individu yang diharapkan, HWE: Hardy-Weinberg Equilibrium, X tabel: 5,99.

Tabel 6 menunjukkan bahwa nilai heterozigositas situs g.5334 yaitu sebesar 20,97% dan masuk dalam kategori sedang. Hal ini sesuai dengan pendapat Indriani *et al.* (2021) yang menyatakan bahwa standar heterozigositas suatu populasi terbagi menjadi kategori rendah (<20%), sedang (20-30%), dan tinggi (>30%). Tinggi rendahnya nilai tersebut dipengaruhi oleh faktor seleksi dan pola

perkawinan. Menurut Meliyana *et al*. (2024) menyatakan bahwa nilai heterozigositas dapat dipengaruhi oleh mutasi, jumlah, pola perkawinan, migrasi dan seleksi. Rendahnya nilai heterozigositas pada penelitian ini dibandingkan dengan temuan Dehnavi *et al*. (2012) pada domba Zel (37%) mengindikasikan bahwa populasi domba Dorper yang diamati memiliki tingkat keragaman genetik yang lebih terbatas.

Hasil Tabel 6 menunjukkan bahwa populasi berada dalam kesetimbangan Hardy-Weinberg karena nilai $\chi 2$ hitung $\leq \chi 2$ tabel. Menurut Pillai dan Patel (2019) kesetimbangan ditunjukkan dengan hasil Hardy-Weinberg nilai $\chi 2$ hitung $\leq \chi 2$ tabel. Kesetimbangan Hardy-Weinberg menunjukkan adanya frekuensi genotipe yang tetap dari setiap generasi karena adanya perkawinan secara acak (*random mating*), ukuran populasi tidak terbatas, serta tidak adanya pengaruh mutasi, seleksi alam, migrasi, dan *genetic drift* (Meirmans, 2018). Hasil yang serupa juga diperoleh pada penelitian domba Batur yang berada dalam kesetimbangan Hardy-Weinberg pada gen MSTN dengan nilai χ^2 0,0034 dan probabilitas (p = 0,95) (Hasan *et al*., 2020). Selain itu, kesetimbangan Hardy-Weinberg pada gen MSTN juga ditemukan pada sapi FH dan Brown Swiss dengan nilai $\chi 2$ masing masing adalah 0,092 dan 2,15 dengan (p = 0,95) (Fadhil dan Zülkadir, 2021).

BAB V

SIMPULAN DAN SARAN

5.1. Simpulan

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan adanya keragaman genetik pada gen MSTN domba Dorper, yaitu dengan ditemukannya titik mutasi pada situs g.5334 (A>C). Dua alel yang ditemukan pada situs tersebut meliputi alel A dan alel C yang kemudian membentuk tiga genotipe yang terdiri atas genotipe AA, AC dan CC.

5.2. Saran

Penelitian lebih lanjut perlu dilaksanakan untuk mengetahui asosiasi titik mutasi yang ditemukan terhadap pertumbuhan domba Dorper. Selain itu, peternak perlu melakukan *outbreeding* untuk meningkatkan keragaman genetik domba Dorper yang ada di Kabupaten Malang.

DAFTAR PUSTAKA

Abdullah, A., Nurjanah, dan Kurnia, N. 2011. Autentikasi tuna steak komersial dengan metode pcr-sequencing. J. Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia. 14(1): 1-7.

Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., dan Walter, P. 2002. Molecular Biology of the Cell. 4th edition. Garland Science: New York.

Aliyya, W. L. N., Noor, R. R., dan Jakaria. 2020. Exploring SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) of Myostatin gene in coding region in Bali cattle. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science. 492(1): 1-7.

Al-Shuhaib, M. B. S., and Hashim, H. O. 2023. Mastering DNA chromatogram analysis in Sanger sequencing for reliable clinical analysis. J. Genetic engineering and biotechnology, 21(1), 1-12.

Anam, K., Cahyadi, W., Azmi, I., Senjarini, K., dan Oktarianti, R. 2021. Analisis hasil elektroforesis DNA dengan image processing menggunakan metode gaussian filter. Indonesian J. of Electronics and Instrumentation Systems. 11(1): 37-48.

Anggraeni, E. 2012. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD), Suatu Metode Analisis DNA Dalam Menjelaskan Berbagai Fenomena Biologi. Biospecies. 1(2): 73-76.

Arifin, O. Z., Cahyanti, W., dan Kristanto, H. 2017. Keragaman genetik tiga generasi Ikan Tambakan (*Helostoma temminkii*) dalam program domestikasi. J. Riset Akuakultur. 12(4): 295-305.

Ariyanti, Y., dan Sianturi, S. 2019. Ekstraksi DNA total dari sumber jaringan hewan (Ikan Kerapu) menggunakan metode kit for animal tissue. J. of Science and Applicative Technology. 3(1): 40-45.

Artdita, C. A., Aziz, F., Hidayah, N., Fauzi, A., Wulandari, T. S., dan Hamid, R. L. 2021. Identifikasi Molekuler Bakteri Staphylococcus sp. dan Staphylococcus aureus Penyebab Mastitis Subklinis pada Ternak Kambing Perah. J. Sain Veteriner. 39(2): 151-160.

Ayuti, T., Lamid, M., Warsito, S. H., Al-Arif, M. A., Lokapirnasari, W. P., Rosyada, Z. N. A., Sugito, S., Akmal, M., Rimayanti, R., Gangil, R., Khairullah, A. R., Abuzahra, M., Moses, I. B., dan Anggraini, L. 2024. A review of myostatin gene mutations: Enhancing meat production and potential in livestock genetic selection. J. Open Veterinary. 14(12): 3189–3202.Azmi, B. N., Novianti, H., Oktavia, N. A., dan Marani, R. 2025. Hubungan Antara Struktur DNA, Gen, dan Genom dalam Pewarisan Sifat

pada Makhluk Hidup. RIGGS: J. Artificial Intelligence and Digital Business. 4(4): 4463-4469.

Batubara, A. 2017. Myostatin gene expression and its application on goat breeding program. Wartazoa. 27: 089-094.

Boman, I. A., Klemetsdal, G., Nafstad, O., Blichfeldt, T., dan Våge, D. I. 2010. Impact of two *myostatin* (MSTN) mutations on weight gain and lamb carcass classification in Norwegian White Sheep (*Ovis aries*). Genetics Selection Evolution. 42(4): 1-7.

Bouyer, C., Forestier, L., Renand, G., dan Oulmouden, A. 2014. Deep intronic mutation and pseudo exon activation as a novel muscular hypertrophy modifier in cattle. PloS one. 9(5): 1-8.

Dehnavi, E., Azari, M. A., Hasani, S., Nassiry, M. R., Mohajer, M., Khan Ahmadi, A., Shahmohamadi, L., dan Yousefi, S. 2012. Polymorphism of Myostatin Gene in Intron 1 and 2 and Exon 3, and Their Associations with Yearling Weight, Using PCR-RFLP and PCR-SSCP Techniques in Zel Sheep. Biotechnology Research International. 472307: 1-5.

Fadhil, M., and Zülkadir, U. 2021. Association between polymorphisms of Myf5, MSTN and CAST genes and fattening performance in Brown Swiss and Holstein cattle breeds. Animal Biotechnology. 32(1): 121–129.

Fajri, S. N., Indra, A. I. N., Merdekawati, F., dan H., A. T. 2024. Optimization of concentration and soaking time of Harris Hematoxylin in dna band examination using electrophoresis. J. of Vocational Health Studies, 8(1): 35–41.

Farhadian M., Hashemi, A., Mardani, R., Darvishzadeh dan Jafari, S. 2012 Polymorphisms in the ovine myostatin gene are associated with birth weight but not with weight gain in Iranian Makoei sheep. Genetics and Molecular Research. 11 (4): 3568-3575.

Farhadian, M. dan Hashemi, A. 2016. Molecular characterization and phylogeny based analysis of intron I sequence of Myostatin (MSTN) gene in Iranian Makuei sheep breed. Ann. Anim. Sci. 16(4): 1007-1018.

Fauziah, S. G., Hilmia, N., dan Mayasari, N. 2025. Identifikasi keragaman gen Serol Regulatory Element-binding Protein 1 (SREBP-1) sebagai kandidat gen untuk kualitas daging pada sapi Pasundan. J. Teknologi Hasil Peternakan. 6(1): 116-128.

Febriana, A., Farajallah, A., dan Perwitasari, D. 2015. Kejadian Indel Simultan pada Intron 7 Gen Branched-Chain α-Ketoacid Dehydrogenase E1a

(BCKDHA) pada Sapi Madura. J. Ilmu Pertanian Indonesia. 20(2): 97-102.

Fu, Y. X. 1995. Statistical properties of segregating sites. Theoretical Population Biology. 48(2): 172–197.

Furqoni, A. H., Yudianto, A., dan Wardhani, P. 2017. Pengaruh Rendaman Air Terhadap Kualitas DNA pada Sperma dengan STR-CODIS D13S317 dan D21S1. J. Biosains Pascasarjana. 19(1): 41–54.

Gaina, C., Amalo, F., dan Wuhan, Y. 2023. Analisis Genetik Gen Leptin Berdasarkan Sekuen DNA GenBank dan Asosiasinya dengan Reproduksi Ternak Babi. J. Kajian Veteriner. 11(1): 93-102.

Grochowska, E., Borys, B., Lisiak, D., dan Mroczkowski, S. 2020. Genotypic and allelic effects of the myostatin gene (MSTN) on carcass, meat quality, and biometric traits in Colored Polish Merino sheep. Meat Sci. 11(2): 1–18.

Guo, R., Wang, H., Meng, C., Gui, H., Li, Y., Chen, F., Zhang, C., Zhang, H., Ding, Q., dan Zhang, J. 2023. Efficient and Specific Generation of MSTN-Edited Hu Sheep Using C-CRISPR. Genes. 14: 1216.

Han, S. H., Cho, I. C., Ko, M. S., Kim, E. Y., Park, S. P., Lee, S. S., dan Oh, H. S. 2012. A promoter polymorphism of MSTN g.2371T>A and its associations with carcass traits in Korean cattle. Mol. Biol. Rep. 39: 3767-3772.

Haren, H. I. H., Purwantini, D., Sumaryadi, M. Y., dan Prayitno. 2020. Short communication: Polymorphism at third exon of the *myostatin* gene and its association with growth and carcass traits in Batur Sheep. Biodiversitas. 21(5): 2074–2078.

Hasan, I. H. H., Purwantini, D., Sumaryadi, M. Y., dan Prayitno. 2020. Short Communication: Polymorphism at third exon of the *Myostatin* gene and its association with growth and carcass traits in Batur sheep. Biodiversitas. 21(5): 2074-2078.

Haynes, F. E., Greenwood, P. L., McDonagh, M. B., McMahon, C. D., Nicholas, G. D., Berry, C. J., and Oddy, V. H. 2013. Lack of association between allelic status and myostatin content in lambs with the *myostatin* g+6723G>A allele. J. of Animal Science. 91(1): 78–89.

Indriani, F., Oktarianti, R., dan Wathon, S. 2021. Genetic Study of Phenylthiocarbamide (PTC) Taste Sensitivity In Population of The Osing in Kemiren Village-Banyuwangi. Berkala Sainstek. 9(1): 1.

Jeanplong, F., Falconer, S. J., Oldham, J. M., Thomas, M., Gray, T. S., Hennebry, A., Matthews, K. G., Kemp, F. C., Patel, K., Berry, C., Nicholas, G., and

McMahon, C. D. 2013. Discovery of a mammalian splice variant of myostatin that stimulates myogenesis. PloS one. 8(12): 1-12.

Kamaliah, K. 2017. Perbandingan metode ekstraksi dna phenol-chloroform dan kit extraction pada Sapi Aceh Dan Sapi Madura. Biotik: J. Ilmiah Biologi Teknologi dan Kependidikan. 5(1): 60-65.

Kinanti, A. A., Khairani, M., Syahfitri, D., Lubis, F. M., dan Sinurat, Y. 2024. Literatur Review: Perubahan Materi Genetik. J. Multidisiplin Ilmu Akademik. 1(3): 872-879.

Koyun, H., Koncagül, S., and Karakuş, K. 2016. Significance of Genetic Diversity in Farm Animal Production. Turkish J. of Scientific Reviews. 9(1): 82-83.

Lee, S. J., dan McPherron, A. C. 2001. Regulation of myostatin activity and muscle growth. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 98(16): 9306–9311.

Lestari, D. A., Oikawa, T., Sutopo, S., Purbowati, E., Setiaji, A., dan Kurnianto, E. 2020. Effect of insulin-like growth factor 1 gene on growth traits of Kejobong goat and its growth analysis. Vet. World. 13: 127–133.

Lokapirnasari, W. P., Sahidu, A. M., Nurharjati, T., Supranianondo, K., dan Yulianto, A. B. 2017. Sekuensing 16S DNA Bakteri Selulolitik Asal Limbah Cairan Rumen Sapi Peranakan Ongole. J. Veteriner. 18(1): 76-82.

Meirmans, P. G. 2018. Hardy-Weinberg equilibrium. Encycl. Ecol. 3(2): 118-126.

Meliyana, D. F., Mashar, A., dan Zairion, Z. 2024. Determinasi struktur stok ikan kembung lelaki menggunakan metode PCR-RFLP di WPP-NRI 711, 572, dan 573. J. Teknologi Perikanan dan Kelautan. 15(2): 161-172.

Neamatzadeh, H., Dastgheib, S. A., Mazaheri, M., Masoudi, A., Shiri, A., Omidi, A., Rahmani, A., Golshan-Tafti, A., Aghasipour, M., Yeganegi, M., Bahrami, M., Aghili, K., Khajehnoori, S., dan Mosavi Jarrahi, A. 2024. Hardy-Weinberg Equilibrium in Meta-Analysis Studies and Large-Scale Genomic Sequencing Era. Asian Pacific J. of cancer prevention. 25(7): 2229–2235.

Nugraha, F., Roslim, D. I., dan Ardilla, Y. P. 2014. Analisis Sebagian Sekuen Gen Ferritin2 pada Padi (*Oryza sativa L.*) Indragiri Hilir, Riau. Biosaintifika: J. of Biology and Biology Education. 6(2): 70-79.

Nur'aini, S., Mukaromah, A. S., dan Muhlisoh, S. 2019. Pengenalan *Deoxyribonucleic Acid* (DNA) dengan Marker-Based Augmented Reality. Walisongo J. of Information Technology. 1(2): 91-100.

Osman, N. M., Shafey, H. I., Abdelhafez, M. A., Sallam, A. M., dan Mahrous, K. F. 2021. Genetic variations in the *Myostatin* gene affecting growth traits in sheep. Veterinary World. 14(2): 475–482.

Pan, Y., Li, S., Zhang, Q., Li, J., Song, C., Kong, L., Liu, Y., Hou, S., Li, S., Liu, Q., Xia, D., dan Wang, Z. 2024. Production performance analysis of sheep MSTN gene C2361T locus. J. of Genetic Engineering and Biotechnology. 22(2): 1-8.

Pillai, J. P. dan Patel, D. 2019. Novel application of the Hardy-Weinberg equilibrium in the analysis of cusp patterning phenotype in Gurajati population. Forensic Sci. Int. Reports. 1: 1-6.

Pramujo, M., Maylinda, S., Nurgiartiningsih, V. M. A., Susilorini, T. E., dan Hamiyanti, A. A. 2025. Perbandingan Karakteristik Morfometrik Domba Ekor Tipis, Cross Texel dan Dorper di Wilayah Tropis Indonesia. J. of Tropical Animal Production. 26(1): 52-59.

Qiao, G., Xu, P., Guo, T., Wu, Y., Lu, X., Zhang, Q., He, X., Zhu, S., Zhao, H., Lei, Z., Sun, W., Yang, B., and Yue, Y. 2022. Genetic Basis of Dorper Sheep (*Ovis aries*) Revealed by Long-Read De Novo Genome Assembly. Frontiers in Genetics. 13: 846449.

Sabrina, Suhaemi, Z., dan Hidayati, S. G. 2022. Intensitas dan presentase Keberhasilan Isolasi DNA Darah Itik Lokal Sumatera Barat pada Lama Inkubasi Lysis Sel yang Berbeda. 2(2): 293-298.

Saha, O., Hossain, S., dan Rahaman, M. 2020. Genomic exploration light on multiple origin with potential parsimony-informative sites of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 in Bangladesh. Gene Reports. 21: 100951: 1-9.

Saiallagan, C., Syafi'i, M., Samaullah, M., Susanto, U., Pramudyawardani, E., dan Prastika, D. 2022. SSR (Simple Sequence Repeats) Markers Used to Visualize DNA Fingerprinting Acrylamide Gels For 49 Rice Genotypes. J. Ilmiah Wahana Pendidikan. 8(8): 32-37.

Setyawati, R., dan Zubaidah, S. 2021. Optimasi konsentrasi primer dan suhu annealing dalam mendeteksi gen leptin pada sapi Peranakan Ongole (PO) menggunakan polymerase chain reaction (PCR). Indonesian J. of Laboratory. 4(1): 36-40.

Sharma, P., Doultani, S., Hadiya, K. K., George, L. B., dan Highland, H. N. 2024. Overview of marker-assisted selection in animal breeding. J. Adv. Bio. Biotechnol. 27(5): 303-318.

Shaul, O. 2017. How Introns enhance gene. J. of biochemistry and cell biology. 1-40.

Sholikhah, U., Batubara, A., Anwar, M., Khasanah, N. H., dan Simanihuruk, R. S. G. P. 2021. The performance of Dorper crossbred sheep produced by natural mating and artificial insemination in Indonesia. 3(2): 61-70.

Syarifulaya, N., Sriasih, M., dan Maskur, M. 2015. Identifikasi Keragaman Gen *Leptin* pada sapi Bali dan kambing Kacang. J. Ilmu dan Teknologi Peternakan Indonesia (JITPI). 1(1): 47-54.

Tasma, I. M. 2015. Pemanfaatan teknologi sekuensing genom untuk mempercepat program pemuliaan tanaman. J. Penelitian dan Pengembangan Pertanian, 34(4): 159-168.

Wang, X., Nursyifa, C., dan Aninta, S.G. 2025. The genetic diversity of Indonesian cattle has been shaped by multiple introductions and adaptive introgression. Nat. Commun. 16 (8192):1-19.

Wanjala, G., Astuti, P. K., Bagi, Z., Kichamu, N., Strausz P. dan S. Kusza. 2023. Assessing the Genomics Structure of Dorper and White Dorper Variants, and Dorper Populations in South Africa and Hungary. Biology. 12(3): 2-11.

Weng, C. L., Yazid, H., Appalasamy, S., Geng, B. J., Nasir, W. M. N. W. M., Muhammad, N. M. N., Iman, A. H. M., dan Kumaran, J. V. 2020. Optimization of binding, washing and elution buffer for development of DNA isolation kit. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. 596(1): 1-7.

Wientjes, Y.C.J., Peeters, K., Bijma P., Huisman, A. B. dan Calus, M. P. L. 2024. Changes in allele frequencies and genetic architecture due to selection in two pig populations. Genetic Selection Evolution. 56 (76):1-16.

Yustina, N., Muskananfola, R., Ayuningrum, D., dan Febrianto, S. 2025. Pemanfaatan DNA Barcoding untuk Identifikasi Spesies Bivalvia di Ekosistem Mangrove Desa Tapak, Kota Semarang. Buletin Oseanografi Marina. 14(3): 425-437.

Zhao, K., Li, X., Liu, D., Wang, L., Pei, Q., Han, B., Zhang, Z., Tian, D., Wang, S., Zhao, J., Huang, B., dan Zhang, F. 2024. Genetic Variations of MSTN and Callipyge in Tibetan Sheep: Implications for Early Growth Traits. Genes. 15(7): 1-10.

Zusriadi, B. F., Kandowangko N. Y., dan Febriyanti. 2025. Sequence and Phylogenetic Analysis of *Citrus maxima* (Burm.) Merr. from Tomini Bay,

Sulawesi Island, Based on the *Maturase K* Gene. Makara J. of Science. 29 (3): 318-327