

3.3. Analisis Data

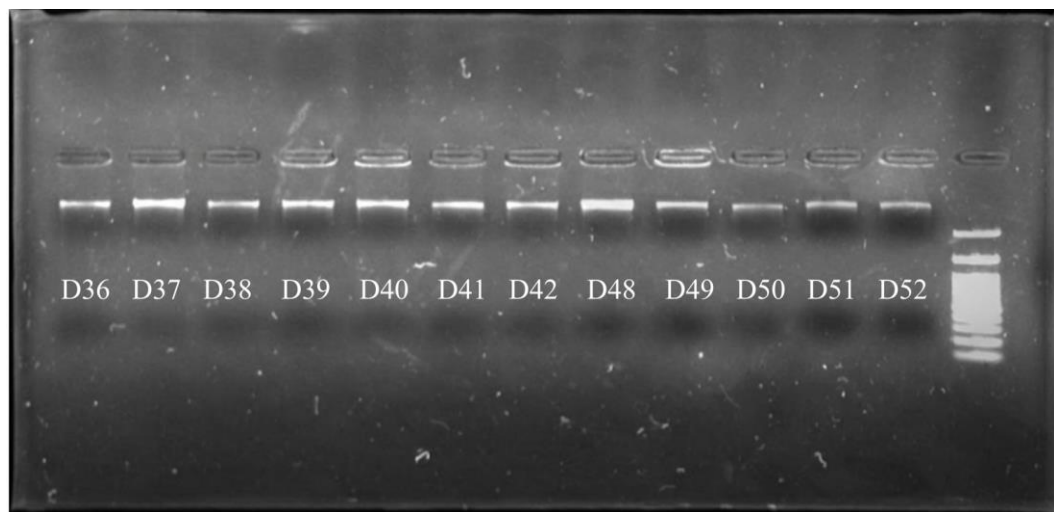
Hasil sekuensing dianalisis menggunakan software *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* versi 12 (MEGA 12). Pensejajaran nukleotida pada gen GH dilakukan dengan program ClustalW untuk mengidentifikasi SNP dan membandingkan gen GH domba Dorper dengan domba lain dengan spesies sama yaitu *Ovis Aries* yang ada di website *National Center of Biotechnology Information* (NCBI). Proses pensejajaran tersebut disajikan pada Lampiran 3.

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1. Hasil Ekstraksi DNA Genome Domba Dorper

Hasil ekstraksi DNA genome domba Dorper divisualisasikan menggunakan elektroforesis gel agarosa 1% dapat dilihat pada Ilustrasi 2.



Ilustrasi 2. Hasil elektroforesis gel agarosa DNA Genome domba Dorper

Seluruh pita sampel DNA genome domba Dorper menunjukkan pita yang relatif seragam. Menurut Yasin *et al.* (2017), kuantitas dan kualitas DNA hasil ekstraksi dapat diamati melalui ketebalan dan kejelasan pita pada gel. Hasil elektroforesis menunjukkan bahwa terdapat perbedaan ketebalan pita DNA antar sampel. Menurut Pasaribu *et al.* (2022), pita DNA yang tampak tebal dan jelas menunjukkan bahwa konsentrasi DNA hasil ekstraksi tinggi, sedangkan pita yang tipis menandakan bahwa konsentrasi DNA yang diperoleh rendah. Pita DNA yang

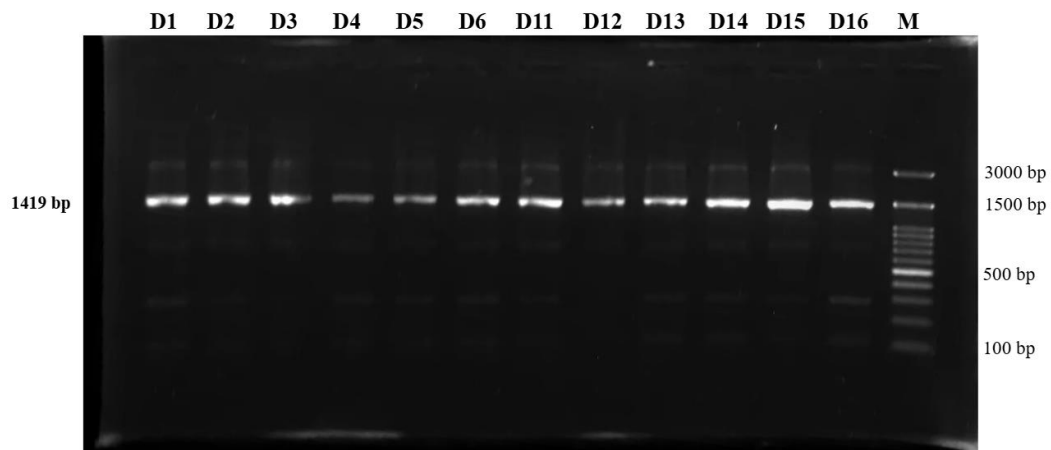
diperoleh tampak terang dan berada di bagian atas gel, menunjukkan bahwa DNA tidak mengalami degradasi dan memiliki ukuran fragmen yang besar. Menurut Xue *et al.* (2025), hasil ekstraksi DNA memiliki kemurnian dan integritas tinggi apabila menunjukkan pita yang jelas serta tidak terdapat indikasi degradasi.

Kualitas DNA yang dihasilkan dipengaruhi oleh berbagai faktor. Menurut Wardana dan Mushlih (2021), kemurnian dan konsentrasi isolat DNA dipengaruhi oleh faktor teknis selama ekstraksi, suhu dan lama waktu inkubasi, sumber DNA, merk kit yang digunakan serta keahlian peneliti dalam pengerjaan. Berdasarkan hasil visualisasi DNA, diperoleh pita DNA yang jelas dan relatif utuh sehingga menunjukkan bahwa DNA hasil isolasi memiliki kualitas yang baik dan layak digunakan sebagai templat pada proses analisis selanjutnya yaitu amplifikasi gen.

4.2. Hasil Amplifikasi Gen GH Domba Dorper

Gen GH domba Dorper berhasil diamplifikasi dan divisualisasikan menggunakan elektroforesis gel agarosa 1% dan disajikan pada Ilustrasi 3. Seluruh sampel menunjukkan pita tunggal pada posisi yang relatif sama. Ukuran fragmen hasil amplifikasi gen GH diperkirakan sekitar ~1400 bp yang mencakup daerah promotor hingga intron 4. Menurut Paneja *et al.* (2024) panjang fragmen pada sampel dapat diidentifikasi melalui perbandingan pita DNA sampel dengan pita DNA *marker*. Panjang ini sesuai dengan ukuran target yang dirancang berdasarkan pasangan primer yang digunakan yaitu 1419 bp. Munculnya pita tunggal tanpa pita non-spesifik menunjukkan bahwa primer memiliki spesifisitas yang baik terhadap daerah target gen GH. Hal ini sesuai dengan pendapat McDonald *et al.* (2024)

bahwa spesifisitas PCR yang tinggi sebagian besar dapat dikaitkan dengan primer spesifik yang ada dalam reaksi dan kondisi siklus yang ketat yang digunakan.

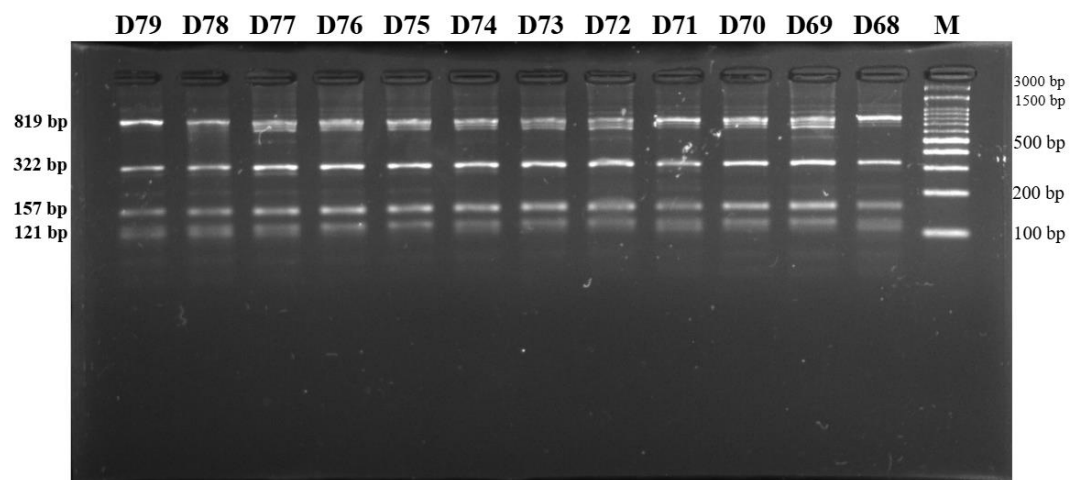


Ilustrasi 3. Visualisasi Hasil Amplifikasi fragmen gen *Growth Hormone* (GH) Domba Dorper

Hasil visualisasi juga menunjukkan intensitas ketebalan pita yang beragam. Ketebalan pita DNA pada hasil elektroforesis mencerminkan jumlah produk PCR yang dihasilkan, di mana pita yang lebih tebal menunjukkan konsentrasi DNA yang lebih tinggi. Hasil penelitian Mazlan *et al.* (2024) menunjukkan bahwa konsentrasi DNA templat secara signifikan memengaruhi efisiensi dan spesifisitas PCR, yang ditunjukkan oleh meningkatnya intensitas pita amplifikasi gen target, sementara penurunan konsentrasi templat DNA memperjelas pembentukan *primer-dimer* yang menyebabkan amplifikasi non-spesifik. *Primer dimer* merupakan ikatan yang terbentuk ketika dua primer saling menempel satu sama lain, bukan menempel pada DNA target. Oleh karena itu, perbedaan intensitas pita menunjukkan variasi jumlah produk PCR yang dapat memengaruhi interpretasi hasil analisis selanjutnya.

4.3. Hasil Restriksi Gen GH Domba Dorper

Hasil pemotongan gen GH menggunakan enzim restriksi ApaI divisualisasikan dengan elektroforesis gel agarosa 3% dan disajikan pada Ilustrasi 4. Estimasi ukuran fragmen dilakukan dengan membandingkan migrasi pita DNA terhadap DNA *marker* 100 bp. Pola empat pita yang dihasilkan menunjukkan kesesuaian dengan prediksi pemotongan enzim ApaI pada gen GH berdasarkan *virtual digest* yang dilakukan melalui www.restrictionmap.org. Hal ini sesuai pendapat Han *et al.* (2008) yang menyatakan bahwa untuk menentukan ukuran fragmen hasil restriksi dari data sekuens dapat dianalisis menggunakan perangkat lunak RestrictionMapper versi 3. Empat pita yang terdeteksi masing-masing diperkirakan berukuran ~121 bp, ~157 bp, ~819 bp, dan ~322 bp.



Ilustrasi 4. Hasil elektroforesis PCR-RFLP gen *Growth Hormone* setelah dipotong oleh enzim restriksi ApaI

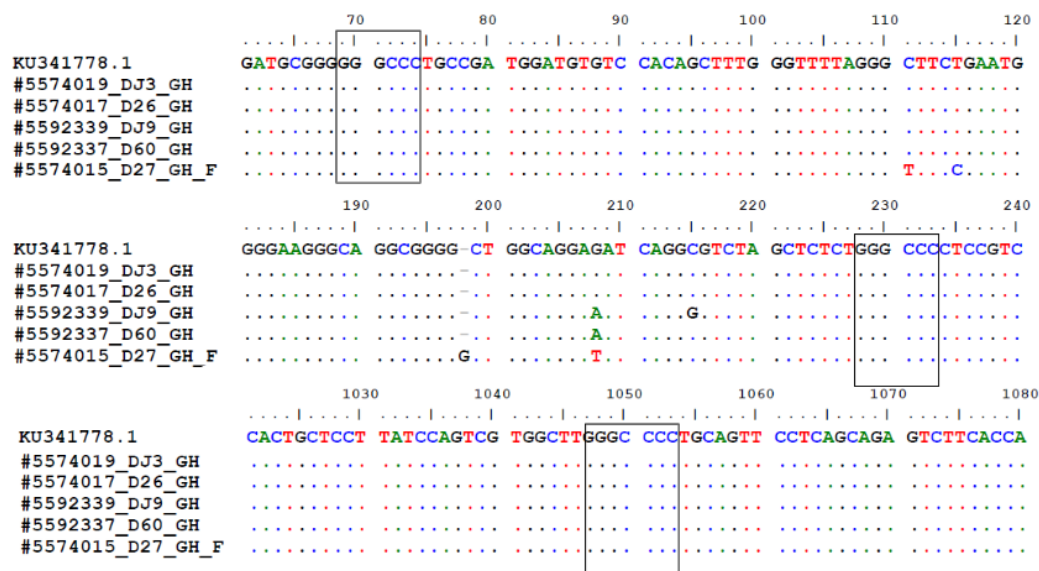
Seluruh sampel memiliki satu jenis pola restriksi yaitu empat fragmen pada semua ternak yang diteliti. Hasil penelitian ini mengindikasikan hanya terdapat satu genotipe pada lokus gen GH yang diamati. Keceragaman pola pita ini menunjukkan

bahwa tidak terjadi perubahan nukleotida yang menyebabkan terbentuk atau hilangnya situs pengenalan enzim *Apal* pada daerah gen GH yang diamplifikasi. Hal ini sesuai dengan pendapat Amiteye (2021) bahwa perbedaan panjang fragmen hasil pemotongan enzim restriksi disebabkan oleh mutasi yang menghilangkan atau membentuk situs pemotongan pada sekuens DNA. Kondisi dimana hanya ada satu pola restriksi mengindikasikan bahwa tidak terdapat variasi genetik yang terdeteksi pada situs restriksi.

4.4. Hasil Sekuensing

Analisis sekuensing dilakukan untuk mengonfirmasi hasil PCR-RFLP gen GH pada domba Dorper. Sebanyak 5 sampel disekuensing dengan metode Sanger kemudian disejajarkan dan dibandingkan dengan referensi sekuens GH dari GenBank dengan *Accession Number* KU341778.1. Hal ini sesuai dengan pendapat Wegrzyn *et al.* (2009) bahwa deteksi mutasi dilakukan dengan membandingkan beberapa sekuens yang telah disejajarkan untuk menemukan perbedaan basa pada posisi yang sama. Hasil pensejajaran seluruh sekuens gen GH yang berhasil terbaca disajikan pada Lampiran 4. Perbandingan tersebut menunjukkan urutan nukleotida yang sama pada situs restriksi dan tidak ditemukan situs restriksi baru ketika disejajarkan dengan sekuens GH referensi. Hasil kromatogram pada situs restriksi pada semua sampel juga menunjukkan sekuens dengan puncak tunggal dan tidak tumpang tindih. Menurut Al-Shuhaib dan Hashim (2023) dalam elektroferogram, puncak homozigot muncul sebagai puncak yang berbeda dan tajam dengan tinggi puncak tunggal. Hasil pensejajaran sekuens sampel dengan sekuens referensi

(Accession Number KU341778.1) pada situs restriksi enzim ApaI disajikan pada Ilustrasi 5.

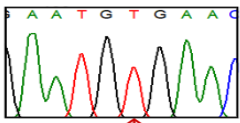
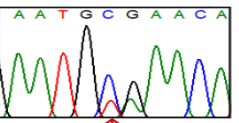
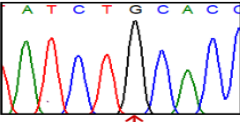
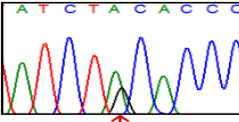
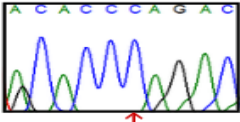
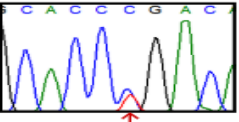
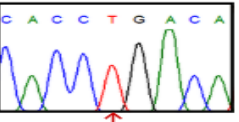
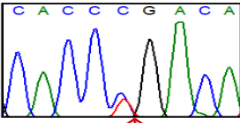
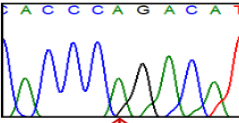
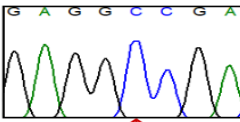
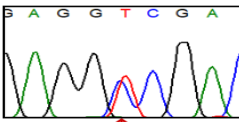


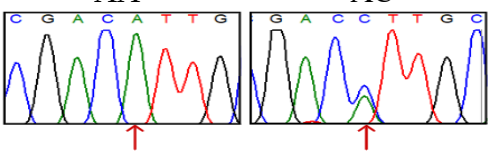
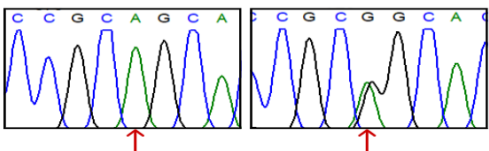
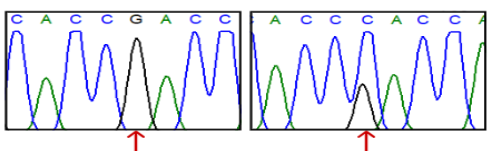
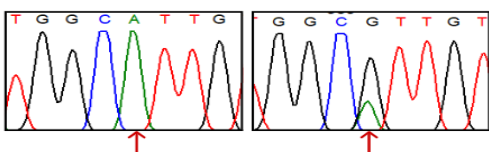
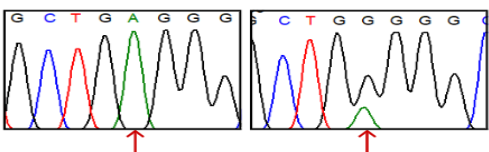
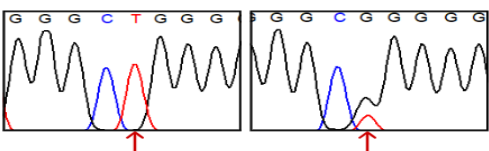
Ilustrasi 5. Hasil sekuensing gen GH Domba Dorper pada situs restriksi enzim ApaI

Beberapa penelitian sebelumnya mengenai keragaman gen GH pada domba juga menunjukkan hasil monomorfik. Gen GH yang monomorfik pada domba ditemukan Ali *et al.* (2025) pada domba Yankasa dan Balami yang memiliki gen GH monomorfik pada intron 4 dan ekson 5 pada kedua bangsa, yang mengindikasikan bahwa wilayah tersebut tidak bervariasi dan bersifat sangat konservatif. Sejalan dengan hal ini Yousif dan Koyun (2022) tidak menemukan polimorfisme pada tiga lokus gen GH setelah pencernaan dengan enzim MspI, dimana seluruh 50 domba Norduz hanya menunjukkan genotipe AB. Hasil penelitian Cauveri *et al.* (2016) juga menunjukkan bahwa semua ekson gen GH pada domba Nilgiri sangat terkonservasi dan tidak menunjukkan adanya polimorfisme. Meskipun gen GH mempengaruhi sifat pertumbuhan domba, dalam

penelitian ini gen tersebut terbukti seragam pada lokus yang dikenali enzim restriksi ApaI sehingga tidak dapat digunakan sebagai penanda genetik. Mutasi diluar situs restriksi yang terdeteksi sekuensing metode Sanger disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Jenis dan Posisi Mutasi pada Gen GH Domba Dorper

Situs Mutasi	Kromatogram			Jenis Mutasi
	TT	CT	CC	
121 g.437* T>C			-	Transisi
	Sampel D26, DJ3, D60,	Sampel D27, DJ9		
	GG	AG	AA	
136 g.452* G>A			-	Transisi
	Sampel D26, DJ3, D60, DJ9	Sampel D27		
	CC	CT	TT	
141 g.457* C>T				Transisi
	Sampel D27, DJ9, D60	Sampel DJ3	Sampel D26	
	del-A	ins-A		
142 g.457- 458* Ins-1bp			-	InDel
	Sampel D26, DJ3	Sampel D27,D60, DJ9		
	CC	CT	TT	
939 g.1254* C>T			-	Transisi
	Sampel D26, DJ3, D27	Sampel D60, DJ9		

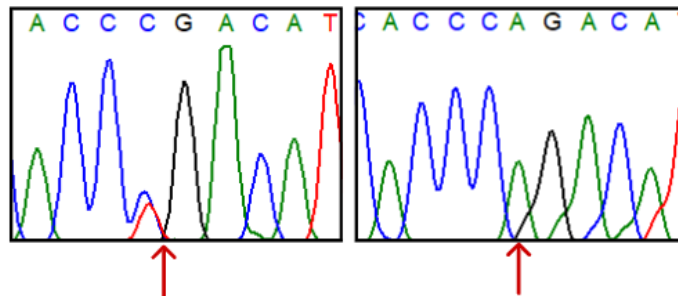
944 g.1259* A>C		CC	-	Transversi
968 g.1283* A>G		GG	-	Transisi
974 g.1289* G>C		CC	-	Transversi
1171 g.1486* G>A		GG	-	Transisi
1194 g.1509* G>A		GG	-	Transisi
1243 g.1558* T>G		GG	-	Transversi

Keterangan : * : Urutan Berdasarkan Genbank (*Accession number* : ■
 ■U341778.1), :Adenin,
 : Guanin, ■: Sitosin, ■: Timin

Hasil analisis sekuensing pada gen GH menunjukkan adanya titik mutasi di luar situs restriksi. Semua mutasi yang ditemukan terletak pada daerah intron yang merupakan wilayah *non-coding*. Mutasi pada daerah intron tidak secara langsung mempengaruhi struktur protein yang dihasilkan. Akan tetapi, menurut Jo dan Choi (2015) meskipun tidak secara langsung mengkode protein, mutasi pada intron banyak di antaranya terasosiasi dengan variasi sifat dan berpotensi memengaruhi regulasi ekspresi gen. Mutasi yang teridentifikasi didominasi oleh mutasi transisi, sedangkan mutasi transversi ditemukan dalam jumlah yang lebih sedikit. Hal ini sesuai dengan pendapat Lyons dan Luring (2017) bahwa seleksi cenderung menghambat mutasi transversi, karena perubahan nonsinonim akibat transversi lebih jarang mempertahankan karakter biokimia asam amino asal. Selain itu, juga ditemukan adanya mutasi berupa insersi basa yang menunjukkan adanya variasi tipe InDel dalam gen GH yang diamati.

Mutasi insersi yang terdeteksi melalui sekuensing secara teoritis dapat mengubah panjang fragmen DNA hasil restriksi. Namun, karena insersi tersebut hanya berupa penyisipan satu basa, perbedaan ukuran fragmen menjadi sangat kecil sehingga sulit dibedakan secara visual melalui elektroforesis gel, terutama dengan penggunaan DNA marker 100 bp. Adanya insersi basa juga menyebabkan perubahan pola kromatogram. Perbandingan kromatogram sampel tanpa insersi dan sampel dengan insersi disajikan pada Ilustrasi 6. Sampel tanpa insersi menunjukkan puncak basa yang relatif teratur, sedangkan sampel dengan insersi menunjukkan perubahan pola puncak setelah titik insersi. Hal ini sesuai dengan Dehairs *et al.* (2016) bahwa indel pada salah satu alel dapat menghasilkan kromatogram

campuran dengan puncak saling tumpang tindih setelah titik mutasi, sehingga kualitas pembacaan sekuens pada bagian tersebut menjadi rendah.



Ilustrasi 6. Perbedaan kromatogram sampel tanpa insersi dan sampel dengan insersi

Perubahan pola kromatogram setelah titik insersi dapat memengaruhi ketepatan pembacaan nukleotida pada posisi berikutnya. Mutasi titik yang muncul setelah insersi diduga tidak seluruhnya merupakan mutasi sebenarnya, melainkan dapat berupa kesalahan pembacaan akibat pergeseran sekuens. Kondisi ini diperkuat oleh posisi insersi yang berada di bagian awal sekuens, sementara data reverse belum mampu mengonfirmasi wilayah tersebut. Dengan demikian, banyaknya perbedaan nukleotida pada Lampiran 5. lebih tepat diinterpretasikan sebagai kemungkinan noise latar belakang. Hal ini sesuai dengan Crossley *et al.* (2020) bahwa *noise* kromatogram tampak sebagai puncak sekunder, dan apabila melebihi batas toleransi dapat menurunkan kualitas serta keandalan data sekuensing.

Distribusi mutasi yang berbeda antar sampel menunjukkan adanya variasi genetik pada sampel yang disekuensing meskipun hasil RFLP menunjukkan pola pita yang seragam. Perbedaan hasil antara analisis sekuensing dan RFLP menunjukkan adanya keterbatasan metode PCR-RFLP dalam mendeteksi seluruh

variasi genetik yang ada. Hal ini sesuai pendapat Hashim dan Al-Shuhaib (2019) bahwa keterbatasan metode PCR-RFLP dalam mengidentifikasi variasi nukleotida yaitu setiap enzim restriksi hanya mengenali sekuens tertentu sehingga perubahan pada sekuens lain tidak terdeteksi. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk mendeteksi pengaruh SNP pada lokasi lain pada populasi domba Dorper di Indonesia yang terkait dengan sifat pertumbuhan dengan jumlah sampel yang lebih besar.

BAB V

SIMPULAN DAN SARAN

5.1. Simpulan

Identifikasi keragaman gen *Growth Hormone* (GH) pada domba Dorper menggunakan metode Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) dengan enzim restriksi *ApaI* menunjukkan bahwa tidak terdapat polimorfisme pada lokus yang diamati, karena tidak ditemukan mutasi pada situs pengenalan enzim restriksi tersebut. Namun, analisis menggunakan metode sekuensing berhasil mengidentifikasi 11 titik mutasi yang terletak di luar situs restriksi *ApaI*.

5.2. Saran

Penelitian lanjutan perlu dilakukan untuk mengkarakterisasi 11 titik mutasi yang telah teridentifikasi, termasuk menentukan frekuensi alel dan genotipe pada populasi yang lebih besar serta mengevaluasi asosiasinya dengan sifat-sifat produksi dan reproduksi pada domba Dorper.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A., Nurjanah dan N. Kurnia. 2011. Autentikasi tuna steak komersial dengan metode PCR-sequencing. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*. 14 (1): 1-7.
- Akter, S., S. Hossain, Md. A. Ali, Md. I. Hosen dan H. U. Shekhar. 2021. Comprehensive characterization of the coding and non-coding single nucleotide polymorphisms in the tumor protein p63 (TP63) gene using in silico tools. *Biomolecules*. 11 (11): 1-29.
- Ali, Y., O.A. Ojo dan N.G. Dubagari. 2025. Monomorphism of growth hormone gene in Yankasa dan Balami sheep breeds using PCR-RFLP. *International Journal of Agriculture dan Agricultural Technology*. 7(1): 1-8.
- Al-Shuhaib, M.B.S. dan H.O. Hashim. 2023. Mastering DNA chromatogram analysis in Sanger sequencing for reliable clinical analysis. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 21 (115): 1-12.
- Alzahrani, F.A., F. Ahmed, M. Sharma, M. Rehan, M. Mahfuz, M.N. Baeshen, Y. Hawsawi, A. Almatrafi, S.A. Alsagaby, M.A. Kamal, M.K. Warsi, H. Choudhry dan M.S. Jamal. 2020. Investigating the pathogenic SNPs in BLM helicase and their biological consequences by computational approach. *Scientific Reports*. 10: 12377.
- Amiteye, S. 2021. Basic concepts dan methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*. 7 (10): e08093.
- Amom, T. dan P. Nongdam. 2017. The use of molecular marker methods in plants: A review. *International Journal of Current Research and Review*. 9 (17): 1-7.
- Ariyanti, Y. dan S. Sianturi. 2019. Ekstraksi DNA total dari sumber jaringan hewan (ikan kerapu) menggunakan metode kit for animal tissue. *Journal of Science and Applicative Technology*. 3 (1): 40-45.
- Arslan, M., E. Tezcan, H. Camci dan M.K. Avci. 2021. Effect of DNA concentration on band intensity and resolution in agarose gel electrophoresis. *Van Sağlık Bilimleri Dergisi*. 14 (3): 326–333.
- Bera, R., D. Zauli, B. Maciel, A.M. Lopes, M.T.S. Erjavec, K.S. Karim, T. Chakraborty, S. Mohapatra, D. Pandey, D. Kumar, R.H. Cheng, S. Kamita, M. Bakoghlian, L. De La Maza, M.M. Mohd Danish-Daniel, M.E. Yik, S. Yeong, T.M. Pau, G. Usup, Z. Jubri, A.N. Aznan, X. Wan, S. Wu dan M.L.

- Nagpal. 2020. Synthetic biology – new interdisciplinary science. IntechOpen.
- Bilezikian, J.P., L.G. Raisz dan G.A. Rodan. 2020. Principles of Bone Biology. Academic Press, San Diego.
- Buchori, A., H. Firmansah, M. Anika, S. Ratnawati, U.T. Ulfa dan Y. Zendrato. 2023. Komparasi metode ekstraksi DNA menggunakan daun padi: Review. Agriculture and Biological Technology. 1 (1): 40–50.
- Cauveri, D., S.N. Sivaselvam, S.M.K. Karthickeyan, K.G. Tirumurugaan, K. Kumanan dan R. Venkataramanan. Tanpa tahun. Single nucleotide polymorphisms in GH gene associated with growth traits in Nilagiri sheep of Tamil Nadu. 5(6): , 4097–4103
- Cloete, S.W.P., M.A. Snyman dan M.J. Herselman. 2000. Productive performance of Dorper sheep. Small Ruminant Research. 36 (2): 119–135.
- Crossley, B.M., J. Bai, A. Glaser dan lainnya. 2020. Guidelines for Sanger sequencing dan molecular assay monitoring. Journal of Veterinary Diagnostic Investigation. 32(6): 767-775
- Daniel, J.A., B.K. Whitlock, C.G. Wagner dan J.L. Sartin. 2002. Regulation of the Growth Hormone and luteinizing hormone response to endotoxin in sheep. Domestic Animal Endocrinology. 23 (1-2): 361–370.
- Dehairs, J., A. Talebi, Y. Cherifi dan J.V. Swinnen. 2016. CRISP-ID: decoding CRISPR mediated indels by Sanger sequencing. Scientific Reports. 6: 28973.
- Desai, M. dan J. Chauhan. 2016. In silico analysis of nsSNPs in human methyl CpG binding protein 2. Meta Gene. 10: 1–7.
- El-Mansy, S.A., M.A. Naiel, I.A.A. El-Naser, M. De Waard, A.O. Babalghith, H.A. Ogaly dan A.A. Ghazy. 2023. The growth hormone gene polymorphism and its relationship to performance and carcass features in Egyptian Awassi lambs. Heliyon. 9(3): e14194
- Eren, K., N. Taktakoğlu dan I. Pirim. 2023. DNA sequencing methods: From past to present. Eurasian Journal of Medicine. 54 (1): 47–56.
- Green, M.R. dan J. Sambrook. 2019. Analysis of DNA by agarose gel electrophoresis. Cold Spring Harbor Protocols. Cold Spring Harbor Protocols. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.

- Green, M.R. dan J. Sambrook. 2019. Polymerase chain reaction. Cold Spring Harbor Protocols. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Gupta, N. 2019. DNA extraction and polymerase chain reaction. Journal of Cytology. 36 (2): 116-117.
- Han, H.R., B.Y. Han, Y.J. Chung dan S.C. Shin. 2008. A simple PCR-RFLP for identification of *Bursaphelenchus* spp. collected from Korea. The Plant Pathology Journal. 24 (2): 159-163.
- Han, Y.C., Y.G. Sun dan Q. Li. 2016. Growth hormone polymorphisms and growth traits in Chinese Tibetan sheep (*Ovis aries*). Genetics and Molecular Research. 15 (3).
- Hartl, D.L. dan A.G. Clark. 2018. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates; Oxford University Press.
- Hashim, H.O. dan M.B. Al-Shuhaib. 2019. Exploring the potential and limitations of PCR-RFLP and PCR-SSCP for SNP detection: A review. Journal of Applied Biotechnology Reports. 6 (4): 137–144.
- Hazarika, G., R. Dutta, D.P. Saikia, D. Malakar, M. Hazorika dan M. Bora. 2024. A comprehensive exploration of restriction enzymes and their applications in molecular biology: A review. World Journal of Advanced Research and Reviews. 21 (1): 2399–2404.
- Hill, W.G. dan T.F.C. Mackay. 2004. D.S. Falconer and introduction to quantitative genetics. Genetics. 167 (4): 1529–1536.
- Hua, G.H., S.L. Chen, J.N. Yu, K.L. Cai, C.J. Wu, Q.L. Li, C.Y. Zhang, A.X. Liang, L. Han, L.Y. Geng, Z. Shen, D.Q. Xu dan L.G. Yang. 2009. Polymorphism of the growth hormone gene and its association with growth traits in Boer goat bucks. Meat Science. 81 (2): 391–395.
- Jannah, Z.N., P. Panjono, A.H.K. Amrullah, B.A. Atmoko, S. Aslimah, A.T. Warman, M.F. Hudaya, B.T.N. Hikmah, A. Sudarman dan A. Ibrahim. 2025. Synergizing reproductive efficiency and growth performance: A large-scale evaluation of Dorper × Garut crossbreeding in Indonesian sheep. Veterinary World. 18 (10): 2934–2944.
- Jo, B. S. dan S. S. Choi. 2015. Introns: the functional benefits of introns in genomes. Genomics & Informatics. 13(4): 112–118.

- Kunda, R.M., S.D. Volkandari, M. Rumanta dan P. Kakisina. 2020. Polymorphism of growth hormone (GH) gene in Lakor goat from Lakor Island of Southwest Maluku Regency. *Buletin Peternakan*. 44 (4): 233–238.
- Kurniawati, D., K. Adhianto, A. Dakhlan dan T. Rafian. 2023. Korelasi genetika sifat produksi sebagai dasar kriteria seleksi domba lokal di Provinsi Lampung. *Journal of Animal Research and Applied Science*. 4 (1): 9–13.
- Lestari, D.A., T. Oikawa, S. Sutopo, E. Purbowati, A. Setiaji dan E. Kurnianto. 2020. Effect of insulin-like growth factor 1 gene on growth traits of Kejobong goat and its growth analysis. *Veterinary World*. 13(1): 127-133.
- Lever, M.A., A. Torti, P. Eickenbusch, A.B. Michaud, T. Santl-Temkiv dan B.B. Jørgensen. 2015. A modular method for the extraction of DNA and RNA, and the separation of DNA pools from diverse environmental sample types. *Frontiers in Microbiology*. 6 (476): 1-25.
- Lokapirnasari, W., A. Sahidu, T. Nurhajati, S. Supranianondo dan A. Yulianto. 2017. Sekuensing 16S DNA bakteri selulolitik asal limbah cairan rumen sapi Peranakan Ongole. *J. Veteriner*. 18 (1): 76–82.
- Lyons, D.M. dan A.S. Lauring. 2017. Evidence for the selective basis of transition-to-transversion substitution bias in two RNA viruses. *Molecular Biology dan Evolution*. 34 (12): 3205-3215.
- Madikadike, M.K., T.L. Tyasi, V. Mbazima dan B. Gunya. 2024. Genetic polymorphism of growth hormone gene in Dorper sheep using PCR-RFLP. *Indian Journal of Animal Research*. 58 (3): 371-375,
- Mazlan, A.H., M.H.A. Muhamad Najib, M.H. Hassan, F.H. Mohd Hatta dan R.M. Yusoff. 2024. Effect of DNA templat concentration on standard polymerase chain reaction. *International Journal of Pharmaceuticals, Nutraceuticals dan Cosmetic Science*. 7 (1): 1-11.
- McCombie, W.R., J.D. McPherson dan E.R. Mardis. 2019. Next-generation sequencing technologies. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*. 9 (11): a036798.
- McDonald, C., D. Taylor dan A. Linacre. 2024. PCR in forensic science: a critical review. *Genes*. 15 (4): 438.
- Meydan, H., F.S. Rashaydeh, R.M. Al-Atiyat dan B.I. Yildiz. 2024. Genetic diversity of Awassi sheep reared in fertile crescent based on microsatellites: a review. *The Journal of Animal dan Plant Sciences*. (5): 1099-1111.

- Milne, C. 2000. The history of the Dorper sheep. *Small Ruminant Research*. 36 (2): 99–102.
- Minter, M., E.S. Nielsen, C. Blyth, L.D. Bertola, M.B. Kantar, H.E. Morales, C. Orland, G. Segelbacher dan D.M. Leigh. 2021. What is genetic diversity and why does it matter? *Frontiers for Young Minds*. 9: 1-9.
- Muniasamy, S., J. Veerasamy, R. Ramanujam dan K. Gopalan Tirumurugan. 2023. Polymorphism of the growth hormone (GH) gene and its association with growth traits in the Kilakarsal breed of sheep. *Veterinarski Arhiv*. 93 (4): 427–434.
- Nei, M. dan S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Notter, D.R. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science*. 77(1): 61-9.
- Paneja, R.B.M., Z. Rismiarti, A.I.N. Indra dan Y. Wahyuni. 2024. Variation of concentration dan repeated use of tris acetat edta buffer on DNA tape quality *Mycobacterium tuberculosis*. *Nutriture Journal*. 3 (2): 85-95.
- Pasaribu, P.A., W. Hendrarti, A.Z. As dan A. Awaluddin. 2022. Profil gen *Nat2* pasien dengan pemberian obat anti tuberkulosis menggunakan metode PCR-RFLP. *Jurnal Ilmu Alam dan Lingkungan*. 13 (2): 55 - 62
- Perumalsamy, N., R. Sharma, A. Elango, A.N. Shriram dan M. Rahi. 2025. Discrimination of hard ticks by polymerase chain reaction–restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). *International Journal of Molecular Sciences*. 27 (1): 1-19.
- Pratama, B., Depison, Gushairiyanto, A. Gunawan dan C. Sumantri. 2024. Growth hormone gene diversity and quantitative characteristics of thin-tailed sheep in Muara Tembesi District, Batang Hari Regency. *Jurnal Ilmu-Ilmu Peternakan*. 34 (2): 260–268.
- Rana, B. dan G.K. Joshi. 2023. Electrophoresis: basic principle, types, dan applications, Dalam: *Basic biotechniques for bioprocess dan bioentrepreneurship*. Elsevier. 183-193.
- Robba, D.K., S. Irmawanti, T. Anggraeni, R. Ariyanti, D.T. Ramsiati dan W.I. Wulansari. 2024. Optimasi polymerase chain reaction fragmen 784 pb gen Pituitary Transcription Factor-1 pada sapi Pogasi untuk meningkatkan produk amplifikasi. *Jurnal Ilmiah Peternakan Halu Oleo*. 6 (4): 330-335.

- Rozi, T., M. Maskur, R. Jan, L.M. Kasip dan M. Muhsinin. 2025. Identification of single nucleotide polymorphism (SNP) in exon 5 of the prolactin gene in native chickens. *Jurnal Biologi Tropis*. 25 (1): 11–17.
- Sárközy, D. dan A. Guttman. 2024. Activation energy of SDS–protein complexes in capillary electrophoresis with tetrahydroxyborate cross-linked agarose gels. *Gels*. 10 (12): 1-12.
- Setyawati, R. dan S. Zubaidah. 2021. Optimasi konsentrasi primer dan suhu annealing dalam mendeteksi gen leptin pada sapi Peranakan Ongole menggunakan polymerase chain reaction. *Indonesian Journal of Laboratory*. 4 (1): 36-40.
- Shafeeq, N.K. 2021. Polymerase chain reaction (PCR): Principle and applications. *Ibn Al-Haitham Journal for Pure and Applied Sciences*. 34 (4): 35–44.
- Sholikhah, D., N. Hilmia dan R. Hidayat. 2022. Identifikasi sifat kuantitatif domba Dorper jantan generasi pertama yang diberi pakan komplit di PT Agro Investama. *Jurnal Nutrisi Ternak Tropis dan Ilmu Pakan*. 3 (2): 61-70.
- Sulastri, M.P.M., I. Dima dan S. Hamdani. 2018. *Dasar Ternak*. CV Anugrah Utama Raharja, Bandar Lampung.
- Taniş, A.N. dan I. Keskin. 2025. Association between growth hormone gene polymorphism and some growth traits in Akkaraman and Anatolian Merino sheep. *Molecular Biology Reports*. 52 (1): 54.
- Wanjala, G., P.K. Astuti, Z. Bagi, N. Kichamu, P. Strausz dan S. Kusza. 2023. Assessing the genomic structure of Dorper and White Dorper variants. *Biology*. 12 (3): 1-11.
- Wardana, A.C. dan M. Mushlih. 2021. Comparison the quality of templat DNA isolated by column method with dan without centrifugation. *Indonesian Journal of Innovation Studies*. 15.
- Wegrzyn, J.L., J.M. Lee, J. Liechty dan D.B. Neale. 2009. PineSAP—sequence alignment dan SNP identification pipeline. *Bioinformatics*. 25 (19): 2609-2610.
- Wittmeier, P. dan S. Hummel. 2022. Agarose gel electrophoresis to assess PCR product yield: comparison with spectrophotometry, fluorometry dan qPCR. *BioTechniques*. 72 (4): 155-158.
- Xue, L., J. Chen, B. Li dan lainnya. 2025. Genetic diversity assessment of Guangling large-tail sheep dan introduced breeds in Shanxi Province using

microsatellite markers dan inference of heterosis potential. *Animal Biotechnology*. 36 (1). 1-13.

- Yadav, K., A., S.S. Tomar, A.K. Jha dan J. Singh. 2017. Importance of molecular markers in livestock improvement: A review. *International Journal of Agriculture Innovations and Research*. 5(4): 2319-1473
- Yasin, M., D. Saptadi, N.D.A. Kendarini dan N. Agisimanto. 2017. Keragaman genetik hasil aplikasi kolkhisin pada tanaman jeruk siam cv. Pontianak (*Citrus nobilis*) secara morfologi dan molekuler. *Jurnal Produksi Tanaman*. 5 (11): 1835-1844
- Yousif, N.I. dan H. Koyun. 2022. Detection of growth hormone (GH) gene polymorphism in Norduz sheep. *Indian Journal of Animal Research*. 56 (9): 5071-5079.
- Yuan, X., K. Meng, Y. Wang, Y. Wang, C. Pan, H. Sun, J. Wang dan X. Li. 2024. Unlocking the genetic secrets of Dorper sheep: Insights into wool shedding and hair follicle development. *Frontiers in Veterinary Science*. 11: 1-16.