
IDENTIFIKASI KERAGAMAN GEN *SEROL REGULATORY ELEMENT-BINDING PROTEIN 1 (SREBP-1)* SEBAGAI KANDIDAT GEN UNTUK KUALITAS DAGING SAPI PASUNDAN

IDENTIFICATION OF STEROL REGULATORY ELEMENT-BINDING PROTEIN 1 (SREBP-1) GENE DIVERSITY AS A CANDIDATE GENE FOR MEAT QUALITY OF PASUNDAN CATTLE

Received : Jan 30th 2025
Accepted : Mar 20th 2025

Siti Ghina Fauziah^{*1}
Nena Hilmia²
Novi Mayasari³

¹Program Studi Ilmu Peternakan,
Fakultas Peternakan, Universitas
Padjadjaran

²Departemen Produksi Ternak,
Fakultas Peternakan, Universitas
Padjadjaran

³ Departemen Nutrisi Ternak dan
Teknologi Pakan, Fakultas
Peternakan Universitas
Padjadjaran

*Korespondensi
Siti Ghina Fauziah

Program Studi Ilmu Peternakan,
Fakultas Peternakan, Universitas
Padjadjaran

Jln. Raya Bandung Sumedang
KM.21, Sumedang, Jawa Barat,
Indonesia

e-mail:
siti21004@mail.unpad.ac.id

Abstract. Pasundan cattle are a local breed with the potential to meet national meat demand, particularly in West Java. One of the factors determining meat quality is its fatty acid composition. The synthesis of fatty acids in beef is affected by proteins produced by the SREBP-1 gene. This study aims to identify the diversity of the SREBP-1 gene as a candidate gene that influences meat quality in Pasundan cattle. The research method used is exploratory experimental. This study was conducted by amplifying DNA from 25 Pasundan cattle. Target DNA amplification to detect an 84-bp indel polymorphism in intron 5 of the SREBP-1 gene was performed using PCR techniques with specific primers. Visualization of the PCR results was carried out using agarose gel electrophoresis. Target DNA sequencing of the PCR results using agarose gel electrophoresis was performed to confirm mutations in the SREBP-1 gene. The results showed the presence of two genotypes, namely LL (96%) and LS (4%), with an allele frequency of L at 0.98 and allele S at 0.02. Additionally, two new mutations were identified: SNP g.9969T>C and SNP g.10265A>G. This study indicates that the SREBP-1 gene in Pasundan cattle is polymorphic and has the potential to be a candidate gene for meat quality related to fatty acid composition

Keywords : Fatty Acid, Meat Quality, Mutation, Pasundan Cattle, SREBP-1.

Sitasi :

Fauziah, S. G., Hilmia, N., & Mayasari, N. (2025). Identifikasi Keragaman Gen *Serol Regulatory Element-Binding Protein 1 (SREBP-1)* sebagai Kandidat Gen untuk Kualitas Daging Sapi Pasundan. *Jurnal Teknologi Hasil Peternakan*, 6(1): 116-128.

PENDAHULUAN

Sapi Pasundan merupakan ternak lokal dari Jawa Barat yang secara resmi telah diakui sebagai salah satu rumpun sapi lokal berdasarkan Surat Keputusan Menteri pertanian Republik Indonesia Nomor 1051/Kpts/RI/SR.10 /2014. Sapi Pasundan termasuk dalam bangsa *Bos sondaicus* dan terbentuk melalui proses persilangan antara *Bos javanicus* atau Banteng/Sapi Bali dengan Sapi Jawa, Sapi Madura, dan Sapi Sumba Ongole (Tawaf, 2017). Sapi Pasundan, sebagai ternak penghasil daging, memiliki keunggulan yang mencakup persentase karkas yang tinggi serta kualitas daging yang baik. Seiring dengan meningkatnya kesadaran konsumen terhadap pentingnya mengkonsumsi daging yang lebih sehat, daging Sapi Pasundan dinilai dapat menjadi pilihan yang tepat untuk dikonsumsi karena memiliki kandungan lemak yang lebih rendah (*lean meat*) (Hilmia, dkk. 2022).

Asam lemak pada daging sapi terbagi menjadi 2 jenis yaitu asam lemak jenuh atau SFA (*Saturated Fatty Acid*) dan asam lemak tak jenuh yang terdiri dari UFA (*Unsaturated Fatty Acid*), MUFA (*Monounsaturated Fatty Acid*), dan PUFA (*Polyunsaturated Fatty Acid*) (Gurr, dkk. 2016). Perbandingan antara asam lemak jenuh dan asam lemak tak jenuh dapat mempengaruhi tekstur, kelembutan, dan rasa pada daging. Selain itu, kandungan asam lemak tak jenuh pada daging sapi juga meningkatkan nilai gizi pada daging. Dalam metabolisme lipid, lipoprotein seperti VLDL (*Very-Low Density*

Lipoprotein) dan *Chylomicron* berperan dalam mengangkut trigliserida (gliserol dan 3 asam lemak) ke jaringan tubuh, sehingga memengaruhi distribusi dan komposisi asam lemak pada daging (Behling, dkk. 2022). Komposisi asam lemak pada daging sapi dipengaruhi oleh beberapa faktor yaitu genetika dengan melibatkan gen-gen yang berkaitan dengan asam lemak, lingkungan, dan interaksinya. Faktor genetik berperan penting dalam menentukan komposisi asam lemak pada daging sapi, yang secara langsung memengaruhi kualitasnya. Misalnya, Sapi Wagyu memiliki kandungan asam oleat yang lebih tinggi dibandingkan dengan ras sapi lainnya karena faktor genetiknya (Vázquez-Mosquera, dkk. 2023). Salah satu gen utama yang berperan dalam metabolisme asam lemak adalah *SREBP-1*, yang memengaruhi sintesis dan regulasi lemak dalam jaringan otot. Keberagaman genetik pada gen ini dapat berkontribusi terhadap perbedaan kadar lemak dalam daging, sehingga menjadi aspek penting dalam upaya peningkatan kualitas daging sapi melalui seleksi dan pemuliaan.

Gen *Strerol Regulatory Element-Binding Protein 1* (*SREBP-1*) adalah faktor transkripsi yang mengatur regulasi dalam metabolisme lipid. Gen ini memiliki dua isoform, yaitu *SREBP-1a* yang berperan dominan dalam lipogenesis *de novo*, dan *SREBP-1c* berperan dalam sintesis kolesterol dan asam lemak di berbagai jaringan termasuk otot (daging). Protein yang dikode oleh gen *SREBP-1* akan mengendalikan ekspresi enzim-enzim penting yang terli-

bat dalam sintesis kolesterol, asam lemak, trigliserida, dan fosfolipid (Anwar, dkk. 2023). Regulasi metabolisme asam lemak melibatkan interaksi kompleks antara enzim, faktor transkripsi, dan metabolit. *SREBP-1* sangat sensitif terhadap tingkat energi dalam sel dan berperan dalam mengatur produksi asam lemak. *SREBP-1* meningkatkan produksi enzim seperti *Acetyl-CoA Carboxylase* (ACC) dan *Fatty Acid Synthase* (FAS), yang merupakan kunci dalam proses pembentukan asam lemak (Chandrasekaran, dkk. 2024).

Gen *SREBP-1* pada sapi terletak di kromosom 19 hingga 21 dan mengkode 1.183 asam amino. Beberapa penelitian menunjukkan bahwa mutasi pada gen *SREBP-1* dapat memengaruhi komposisi asam lemak pada daging sapi (Anwar, dkk. 2023; Li, dkk. 2018). Polimorfisme 84-bp indel di intron 5 gen *SREBP-1* pertama kali ditemukan oleh Hoashi, dkk. (2007), adanya mutasi *insertion* atau *deletion* dapat memengaruhi ekspresi dan fungsi dari gen *SREBP-1*. Penyisipan (*insertion*) 84-bp direpresentasikan sebagai tipe panjang (alel L), sementara penghapusan (*deletion*) direpresentasikan sebagai tipe pendek (alel S). alel S diketahui memiliki pengaruh dalam meningkatkan kadar asam lemak tak jenuh (PUFA/MUFA) yang lebih baik dibandingkan alel L. Penelitian yang dilakukan oleh Gamarra, dkk. (2019) menunjukkan bahwa genotip SS memiliki korelasi positif antara ekspresi gen *SREBP-1* dan kandungan asam lemak tak jenuh pada daging sapi.

Beberapa penelitian telah mengkonfirmasi penghapusan 84-bp pada intron 5 gen *SREBP-1* memengaruhi komposisi asam lemak, terutama asam lemak tak jenuh pada berbagai ras sapi. Mutasi 84-bp indel pada intron 5 gen *SREBP-1* dapat meningkatkan ekspresi gen yang mengatur metabolisme lipid, sehingga berpotensi meningkatkan sintesis asam lemak tak jenuh seperti MUFA dan PUFA. Hal ini dapat mengurangi kadar SFA dan meningkatkan kualitas daging melalui peningkatan *marbling* serta tekstur yang lebih lembut. Pada Sapi Hitam Jepang, genotip SS di lokus gen *SREBP-1* memiliki korelasi positif pada peningkatan proporsi MUFA sebesar 1,3% dan penurunan titik leleh pada jaringan lemak (Hoashi, dkk. 2007). Pada sapi Hanwoo, genotip SS menunjukkan konsentrasi asam stearat 6,3% lebih rendah dibandingkan genotip LL, serta kandungan asam linoleat dan PUFA masing masing 11,06% dan 12,2% lebih tinggi (Bhuiyan, dkk. 2009). Penelitian terbaru pada Sapi Pirenaica menunjukkan bahwa sapi dengan genotip SS dan SL memiliki kandungan PUFA lebih tinggi dibandingkan dengan sapi dengan genotip LL (Gamarra, dkk. 2019). Informasi mengenai mutasi gen *SREBP-1* pada sapi Pasundan masih sangat terbatas, oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk mengetahui apakah terdapat mutasi dan bagaimana bentuk mutasi 84-bp indel di intron 5 gen *SREBP-1* pada Sapi Pasundan.

MATERI DAN METODE

1. Materi Penelitian

Ternak penelitian yang digunakan adalah 25 ekor Sapi Pasundan betina yang dipelihara secara intensif di *Teaching Farm Sapi Potong Ciparanje*, Fakultas Peternakan, Universitas Padjadjaran, dengan umur ± 2 tahun yang diberi pakan 30% konsentrat dan 70% hijauan. Materi penelitian yang digunakan adalah DNA yang telah diekstrak dan diisolasi dari sampel darah sapi sebanyak 3 ml.

2. Metode Penelitian

Metode yang akan digunakan dalam penelitian ini adalah eksperimental eksploratif, yang bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman pada gen *Sterol Regulatory Element-Binding Protein 1 (SREBP-1)* pada Sapi Pasundan.

2.1 Identifikasi Mutasi Gen SREBP-1

Identifikasi mutasi indel pada sekuen gen *SREBP-1* di intron 5 dilakukan dengan amplifikasi PCR. DNA Sapi Pasundan betina diamplifikasi menggunakan sepasang primer yaitu 5'-AGAAACGCTACCGCTCTTCC-3' untuk primer *forward* (F), dan untuk primer *reverse* (R) 3'-CCAGAGAGCT-TGGCACTGAA-5'. Primer tersebut didesain berdasarkan sekuen DNA target Genbank dengan no akses NC_037346, yang dapat mengamplifikasi fragmen intron 5 dengan panjang 654 bp.

Amplifikasi target gen *SREBP-1* dilakukan menggunakan Green Master Mix dari Promega® dengan mesin PCR LongGene® A600. Komponen yang digunakan meliputi sampel DNA sebanyak 2 µL, nucleus free water 9,5 µL,

primer forward (F) dan reverse (R) masing-masing 0,5 µL dan Green Master Mix 12,5 µL. Amplifikasi DNA dimulai dengan denaturasi awal pada suhu 94°C selama 2 menit dilakukan satu kali, dilanjutkan dengan 35 kali denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, annealing pada suhu 59°C selama 1 menit dan ekstensi pada suhu 72°C selama 1 menit. Selanjutnya dilakukan Final extension lagi pada suhu 72°C selama 10 menit. Hasil amplifikasi divisualisasikan menggunakan elektroforesis agarosa 1,5% yang mengandung 0,8 gr Ds.Red.

Genotip setiap individu ditentukan berdasarkan pola dan ukuran fragmen yang terlihat pada gel elektroforesis. Pengukuran panjang fragmen DNA yang teramplifikasi menggunakan *ladder* ukuran 100 bp. Menurut Anwar, dkk. (2023) genotip LL ditandai oleh satu fragmen berukuran 654 bp, sedangkan genotip SS ditandai oleh satu fragmen berukuran 570 bp karena adanya penghapusan/delesi 84-bp. Sementara itu genotip LS ditandai oleh keberadaan dua fragmen, masing-masing berukuran 654 bp dan 570 bp.

2.2 Analisis Statistik

Nilai frekuensi alel dan genotipe diperoleh dengan rumus Nei (1987).

$$\chi^i = \frac{2\eta_{ij} + \sum \eta_{ij}}{2N}$$

$$\chi^{ii} = \frac{\eta_{ij}}{N} \times 100\%$$

Keterangan :

- χ^i = frekuensi alel ke-i
 χ^{ii} = frekuensi genotip

- η_{ij} = jumlah individu homozigot alel ke-i
 n_{ij} = jumlah individu heterozigot
 N = jumlah individu sampel

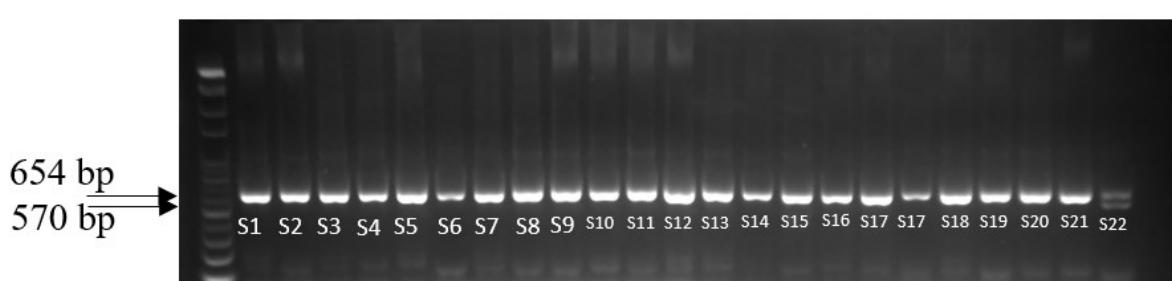
HASIL DAN PEMBAHASAN

Sterol Regulatory Element-Binding Protein 1 (SREBP-1) adalah faktor transkripsi yang memiliki peran krusial dalam pengaturan metabolisme lipid, termasuk asam lemak dan kolesterol. Beberapa penelitian menunjukkan bahwa mutasi atau polimorfisme tertentu pada gen *SREBP-1* dapat memengaruhi ekspresi gen yang pada akhirnya akan memengaruhi regulasi metabolisme lipid. Amplifikasi fragmen gen *SREBP-1* sepanjang 654-bp berhasil dilakukan menggunakan primer yang didesain dengan primer BLAST NCBI berdasarkan sekuen nukleotida dengan Nomor akses Genbank NC_037346. Hasil amplifikasi disajikan pada Gambar 1.

Wilayah pengkode protein dari suatu gen mengandung nukleotida yang mengkode asam amino yang terdiri dari 5' UTR dan 3' UTR yang mengapit wilayah intro dan ekson (Suza, dkk. 2024). Fragmen target pada penelitian ini adalah intron 5. Intron adalah

segmen DNA dalam gen yang tidak dikodekan menjadi protein tetapi sangat berperan dalam meningkatkan ekspresi gen (Shaul, 2017). Perbanyakannya sekuen DNA gen *SREBP-1* pada ini penelitian, meliputi sebagian area ekson 4 dan seluruh area intron 5 gen *SREBP-1*. Berdasarkan Gambar 1. Fragmen target dapat diamplifikasi pada panjang 654 bp pada seluruh sampel kecuali pada sampel no. 22 terdapat perbedaan panjang basa nitrogen sebanyak 84-bp, sehingga terdapat 2 ukuran panjang basa nitrogen yaitu 654-bp dan 570-bp yang disebabkan adanya mutasi indel.

Mutasi indel (*insertion/deletion*) adalah jenis mutase genetic yang melibatkan penambahan (*insertion*) atau penghapusan (*deletion*) satu atau lebih basa nitrogen dalam urutan DNA (Stenson, dkk. 2017). Mutase indel terjadi ketika ada kerusakan pada DNA khususnya *double-strand breaks* (DSBs) atau putusnya kedua untai DNA secara simultan. Mutase gen dapat terjadi secara alami pada proses miosis. Selama miosis, proses rekombinasi genetik dan pemisahan kromosom dapat menyebabkan variasi genetik, termasuk mutase (Li, dkk. 2023).



Gambar 1. Hasil Amplifikasi intron 5 gen *SREBP-1*

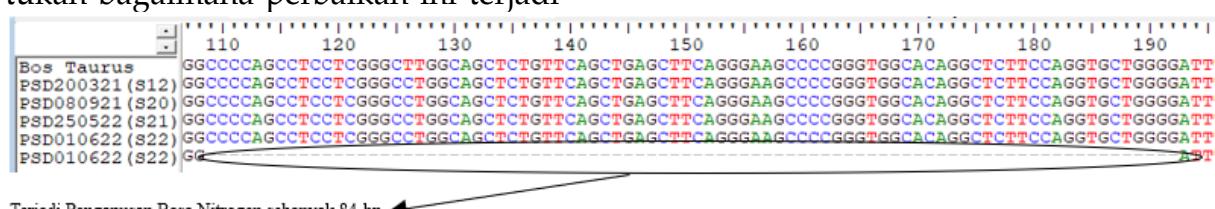
Mutasi indel (*insertion/deletion*) adalah jenis mutase genetic yang melibatkan penambahan (*insertion*) atau penghapusan (*deletion*) satu atau lebih basa nitrogen dalam urutan DNA (Stenson, dkk. 2017). Mutase indel terjadi ketika ada kerusakan pada DNA khususnya *double-strand breaks* (DSBs) atau putusnya kedua untai DNA secara simultan. Mutase gen dapat terjadi secara alami pada proses miosis. Selama miosis, proses rekombinasi genetik dan pemisahan kromosom dapat menyebabkan variasi genetik, termasuk mutase (Li, dkk. 2023). Kerusakan ini bisa disebabkan oleh radiasi kimia atau bahan kimia yang merusak DNA (Behjati , dkk. 2016). Saat terjadi DSBs, sel akan berusaha memperbaikinya dengan menyatukan ujung-ujung untai yang terputus melalui dua cara utama yaitu C-NHEJ (*Canonical Non-Homologous End Joining*) dan TMEJ (*Theta-Mediated End Joining*). Selama proses perbaikan DNA terjadi, terkadang DNA yang rusak tidak bisa langsung disatukan dengan baik. Untai DNA yang terputus perlu diproses terlebih dahulu, dan proses ini menyebabkan beberapa basa nitrogen hilang atau bertambah, sehingga menghasilkan mutase indel. Selain itu, faktor lain seperti enzim-enzim pemroses DNA juga memainkan peran penting dalam menentukan bagaimana perbaikan ini terjadi

dan seberapa besar mutasi indel yang terbentuk (Aguirre, dkk. 2022).

Mutasi indel pada intron 5 gen *SREBP-1* dapat berdampak pada proses *splicing*. *Splicing* adalah proses penghilangan intron dan penyambungan ekson untuk menghasilkan mRNA matang. Perubahan pada intron akibat adanya mutasi indel dapat menghasilkan beberapa kondisi diantaranya menghasilkan situs *splicing* baru, hilangnya situs *splicing* asli, atau gangguan dalam efisiensi *splicing*, sehingga dapat memengaruhi produk akhir berupa protein (Wang, dkk. 2015). Menurut Snyman, dkk. (2023) mutasi pada wilayah intronik seringkali memengaruhi fungsi protein melalui regulasi ekspresi gen.

SREBP berinteraksi dengan SRE yang berada di wilayah promotor gen target, sehingga memengaruhi proses ekspresi gen. Gen target dari isoform *SREBP1c* pada sapi meliputi reseptor lipoprotein densitas rendah (LDL), ACC, asam lemak sintase (FAS), dan *stearoyl-CoA desaturase* (SCD).

Penelitian yang dilakukan oleh Wen , dkk. (2016) menunjukkan bahwa ekspresi gen *SREBP-1* secara berlebihan akibat adanya mutasi mengakibatkan adanya penurunan atau peningkatan ekspresi mRNA dan konsentrasi protein yang dihasilkan



Gambar 2. Mutasi 84-bp Indel Gen *SREBP-1*

Hasil Amplifikasi intron 5 gen SREBP-1 pada Gambar 1. dikonfirmasi menggunakan *direct sequencing* untuk memastikan adanya mutasi polimorfisme 84-bp indel. Berdasarkan Gambar 2. pada sampel 22 tipe delesi, terdapat penghapusan basa nitrogen sebanyak 84-bp. Hasil *direct sequencing* pada penelitian ini tidak hanya mengidentifikasi polimorfisme 84-bp indel pada intron 5 gen *SREBP-1* tetapi juga ditemukan beberapa mutasi baru. Gambar 3. menunjukkan adanya mutasi SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) g. 9969T>C pada semua sampel. Selain itu, ditemukan juga mutasi SNP g. 10265A>G pada sampel 12 yang disajikan pada Gambar 4. Mutasi SNP adalah variasi genetik yang melibatkan substitusi satu nukleotida pada urutan DNA, dimana nukleotida tertentu digantikan oleh salah satu dari tiga nukleotida lainnya (Matsuda, 2017). Meskipun mutasi di daerah intronik

tidak langsung mengubah urutan asam amino, mutasi ini dapat memiliki dampak signifikan terhadap ekspresi gen dan fungsi protein.

Beberapa penelitian telah menunjukkan bahwa mutasi pada daerah intronik dapat memengaruhi ekspresi gen dan kualitas daging sapi. Sebuah studi pada sapi Bali mengidentifikasi delapan *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNP) pada gen *Stearoyl-CoA Desaturase* (SCD), dengan lima di antaranya berada di intron 5, yang berpotensi memengaruhi proses *splicing* dan regulasi transkripsi gen (Gunawan, dkk. 2019). Penelitian lain pada sapi Madura menemukan variasi nukleotida pada intron 7 gen *Branched-Chain α-Ketoacid Dehydrogenase E1 α* (BCK-DHA), yang meskipun tidak mengubah asam amino, dapat berperan dalam regulasi ekspresi gen dan metabolisme lemak dalam daging sapi (Febriana, dkk. 2015).

	100	110	120	130	14
<i>Bos Taurus</i>	G	T	C	T	G
PSD200321 (s12)	T	G	G	G	C
PSD080921 (s20)	G	A	G	A	C
PSD250522 (s21)	A	T	A	T	C
PSD010622 (s22)	T	A	T	A	C
PSD010622 (s22)	T	A	T	A	C

Gambar 3. Mutasi SNP g.9969T>C Intron 5 Gen *SREBP-1*

	410	420	430	440	45
<i>Bos Taurus</i>	G	G	T	G	A
PSD200321 (s12)	T	A	A	T	C

Gambar 4. Mutasi SNP g.10265A>G Intron 5 Gen *SREBP-1*

Mutasi SNP di daerah intronik dapat memengaruhi stabilitas dan transportasi mRNA. Keberadaan mutasi SNP di daerah intronik diduga dapat menciptakan elemen pengikat baru yang dapat memengaruhi stabilitas mRNA untuk translasi (Wang, dkk. 2015). Dari sisi fenotip, mutasi SNP di daerah intronik berhubungan dengan sifat-sifat tertentu, karena intron juga berperan dalam mengatur tingkat ekspresi gen dan pola ekspresi spesifik pada jaringan tertentu (Kumar, dkk. 2015).

1. Genotipe dan Frekuensi Alel Polimorfisme 84-bp Indel pada Intron 5 Gen *SREBP-1*

Polimorfisme indel adalah variasi genetik yang ditandai dengan adanya penyisipan atau penghapusan sejumlah basa nukleotida dalam suatu gen. Penentuan genotip polimorfisme 84-bp indel pada intron 5 gen *SREBP-1*, didasarkan pada hasil visualisasi DNA target yang telah diamplifikasi dengan primer spesifik yang mengapit daerah intron 5 gen *SREBP-1* yang terdapat polimorfisme 84-bp indel di dalamnya. Hasil elektroforesis pada Gambar 2. Menunjukkan adanya dua genotip pada populasi Sapi Pasundan yang diamati, yaitu genotip LL dan genotip LS. Genotip LL ditandai dengan keberadaan

satu pita DNA berukuran 654 bp yang mengindikasikan adanya alel L atau penyisipan 84-bp pada intron 5 gen *SREBP-1*. Sedangkan, genotip LS menunjukkan dua pita DNA, yang masing-masing mewakili satu alel yaitu alel L atau penyisipan 84-bp dan alel S atau penghapusan 84-bp pada intron 5 gen *SREBP-1*. Genotip SS yang ditandai oleh satu pita DNA berukuran 570 bp yang mengindikasikan adanya penghapusan 84-bp pada gen *SREBP-1*. Namun, pada sampel Sapi Pasundan yang diamati keberadaan genotip SS tidak teridentifikasi, hal tersebut sesuai dengan penelitian yang dilakukan oleh (Anwar, dkk. 2023) bahwa terdapat dua genotip pada Sapi Pasundan yaitu genotip LL dan genotip LS namun, genotip SS tidak teridentifikasi pada Sapi Pasundan.

Berdasarkan tabel 1. Frekuensi genotip gen *SREBP-1* pada Sapi Pasundan didominasi oleh genotip LL dengan frekuensi sebesar 0,96 (96%). Sementara itu, genotip LS hanya ditemukan pada satu individu dengan frekuensi 0,04 (4%) sedangkan genotip SS tidak ditemukan sama sekali (0%). Tingginya frekuensi genotip LL pada populasi Sapi Pasundan betina mencerminkan Tingkat homozigositas yang sangat tinggi

Tabel 1. Genotip dan Frekuensi Alel Gen *SREBP-1*

Genotip	Individu	Frekuensi Genotip	Percentase	Frekuensi alel	
				L	S
LL	24	0,96	96%		
LS	1	0,04	4%	0,98	0,02
SS	0	0,00	0%		
Total	25	1,00	100%	100%	

Sebaliknya, rendahnya frekuensi genotip LS dan tidak adanya individu dengan genotip SS menunjukkan bahwa keberadaan alel S sangat rendah atau hampir tidak ada. Walaupun demikian, dapat dikemukakan bahwa gen *SREBP-1* pada Sapi Pasundan Polimorfik. Hal ini Sesuai dengan pernyataan yang disampaikan oleh Nei dan Kumar (2000), gen dapat dianggap polimorfik jika salah satu alelnya memiliki frekuensi kurang dari 99%. Genotip SS yang tidak terdeteksi meskipun alel S masih ditemukan dalam populasi menunjukkan bahwa alel ini mungkin tertekan oleh seleksi alam. Menurut Schoech, dkk. (2019) seleksi negatif sering kali mengurangi keberadaan alel minor yang kurang adaptif. Selain itu, frekuensi alel minor seperti alel S juga dapat dipengaruhi oleh *genetic drift*, terutama pada populasi kecil. Keberadaan genotip LS menunjukkan bahwa alel S masih diwariskan dalam populasi meskipun jumlahnya kecil. Hal ini menunjukkan bahwa alel minor tidak sepenuhnya dieliminasi dari populasi.

Nilai Frekuensi alel pada penelitian ini dihitung menggunakan rumus Nei (1987). Hasil perhitungan pada tabel 1. menunjukkan frekuensi alel L sebesar 0,98 dan frekuensi alel S sebesar 0,02 frekuensi tersebut menunjukkan bahwa alel L (tipe panjang) memiliki frekuensi yang jauh lebih tinggi dibandingkan dengan alel S (tipe pendek). Dominasi alel L dapat mengindikasikan adanya pengaruh seleksi alam atau tekanan lingkungan yang mendukung keberadaan alel tersebut. Semen-tara itu, rendahnya frekuensi alel S me-

nunjukkan bahwa polimorfisme 84-bp indel pada intron 5 gen *SREBP-1* bersifat langka dalam populasi yang diamati. Dominasi alel L dan tidak adanya genotip SS dapat dipengaruhi oleh beberapa faktor, salah satunya seleksi alam. Individu dengan genotip LL mungkin memiliki keunggulan adaptif dibandingkan dengan genotip SS, sehingga dapat bertahan dan berkembang biak dengan baik.

Genotip LL, yang mendominasi populasi Sapi Pasundan dalam penelitian ini, memiliki potensi berkorelasi dengan peningkatan asam lemak tertentu yang mendukung pertumbuhan jaringan adiposa. Hal ini sejalan dengan penelitian Li, dkk. (2012) yang menunjukkan bahwa individu dengan genotip LL pada gen *SREBP-1* cenderung memiliki kandungan asam lemak jenuh (SFA) yang lebih tinggi pada jaringan adiposa. Kandungan SFA yang lebih tinggi dapat memengaruhi rasa dan tekstur daging yang membuatnya lebih padat (Wood, dkk. 2008). Keberadaan alel S dalam dalam genotip LS pada populasi Sapi Pasundan yang diamati menjadi indikator bahwa Sapi Pasundan juga berpotensi memiliki pola metabolisme lipid yang beragam. Hal ini sesuai dengan pendapat Li, dkk. (2018) yang menyatakan mutase pada gen *SREBP-1* dapat berakibat pada produksi asam lemak tak jenuh yang beragam pula. Asam lemak tak jenuh pada daging yang bervariasi akibat keberadaan alel S, menjadikan daging tersebut memiliki kualitas yang lebih tinggi karena dapat meningkatkan

marbling pada daging yang dapat meningkatkan nilai jual.

KESIMPULAN

Gen *SREBP-1* pada Sapi Pasundan teridentifikasi memiliki mutasi 84-bp indel serta dua mutasi baru, SNP g.9969T>C dan SNP g.10265A>G. Populasi yang diamati menunjukkan dua genotip, LL (96%) dan LS (4%), dengan frekuensi alel L sebesar 0,98 dan S sebesar 0,02. Polimorfisme ini berpotensi memengaruhi kualitas daging melalui perubahan komposisi asam lemak, sehingga diperlukan penelitian lebih lanjut untuk mengeksplorasi dampaknya terhadap peningkatan kadar asam lemak tak jenuh dan nilai nutrisi daging.

DAFTAR PUSTAKA

- Anwar, S., Putra, W. P. B., Khaerunnisa, I., Wulandari, A. S., Prihatin, K. W., & Sutikno. (2023). The 84-bp Indel Polymorphism of The Sterol Regulatory Element-Binding Protein 1 (*SREBP-1*) Gene in Several Cattle Breeds in Indonesia. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner*, 28(2), 102–111.
<https://doi.org/10.14334/jitv.v2.8.i2.3-3046>
- Aguirre, M. C., Ping, X., & Stark, J. M. (2022). To Indel or Not to Indel: Factors Influencing Mutagenesis During Chromosomal Break End Joining. *DNA Repair*, 118, 103380.
<https://doi.org/10.1016/j.dnarep.2022.103380>
- Behjati, S., Gundem, G., Wedge, D. C., Roberts, N. D., Tarpey, P. S., Cooke, S. L., Van Loo, P., Alexandrov, L. B., Ramakrishna, M., Davies, H., Nik-Zainal, S., Hardy, C., Latimer, C., Raine, K. M., Stebbings, L., Menzies, A., Jones, D., Shepherd, R., & Butler, A. P. (2016). Mutational Signatures of Ionizing Radiation in Second Malignancies. *Nature Communications*, 7, 1–8.
<https://doi.org/10.1038/ncomm12605>
- Behling-Kelly, E., & Wong, C. (2022). Agarose Gel Electrophoresis Determination of Bovine Lipoproteins Compared with a Wet Chemistry Method. *JDS Communications*, 3(5), 373–376.
<https://doi.org/10.3168/jdsc.2022-0223>
- Bhuiyan, M. S. A., Yu, S. L., Jeon, J. T., Yoon, D., Cho, Y. M., Park, E. W., Kim, N. K., Kim, K. S., & Lee, J. H. (2009). DNA polymorphisms in SREBF-1 and FASN genes affect fatty acid composition in Korean cattle (Hanwoo). *Asian - Australasian Journal of Animal Sciences*, 22(6), 765–773.
<https://doi.org/10.5713/ajas.2009.80573>

- Febriana, A., Farajallah, A., & Perwitasari, D. (2015). Simultaneous Indel of Intron 7 of Branched-Chain α -Ketoacid Dehydrogenase E1a (BCKDHA) Gene in Madura Cattle. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 20(2), 97–102.
<https://doi.org/10.18343/jipi.20.2.97>
- Gamarra, D., Aldai, N., Arakawa, A., de Pancorbo, M. M., & Taniguchi, M. (2019). Association of a Polymorphism in SREBP-1 With Fatty Acid Composition and Lipogenic Gene Expression in Beef Cattle Breeds. *Research Square*, 1–20.
<http://dx.doi.org/10.21203/rs.2.15242/v1>
- Gunawan, A., Harahap, R. S., Listyarini, K., & Sumantri, C. (2019). Identifikasi Keragaman Gen DGAT1 serta Asosiasinya terhadap Karakteristik Karkas dan Sifat Perlemakan Domba. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Peternakan Tropis*, 6(2), 259.
- Gurr, M. I., Harwood, J. L., & Frayn, K. N. (2016). *Lipid Biochemistry: An Introduction* (6th ed.)
- Hilmia, N., Rahmat, D., Dudi, & Hadi, D. N. (2019). Single Nucleotide Polymorphism on Exon 2 Leptin Gene of Pasundan Cattle. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 334(1).
<https://doi.org/10.1088/1755-1315/334/1/012013>
- Hoashi, S., Ashida, N., Ohsaki, H., Utsugi, T., Sasazaki, S., Taniguchi, M., Oyama, K., Mukai, F., & Mannen, H. (2007). Genotype of Bovine Sterol Regulatory Element Binding Protein-1 (SREBP-1) is Associated with Fatty Acid Composition in Japanese Black Cattle. *Mammalian Genome*, 18(12), 880–886.
<https://doi.org/10.1007/s00335-007-9072-y>
- Kumar, S., Singh, U., Deb, R., Tyagi, S., Mandal, D. K., Kumar, M., Sengar, G., Sharma, S., Singh, R., & Singh, R. (2015). A SNP (G.358A>T) at Intronic Region of CD9 Molecule of Crossbred Bulls May Associate With Spermatozoal Motility. *Meta Gene*, 5, 140–143.
<https://doi.org/10.1016/j.mgene.2015.07.004>
- Li, C., Aldai, N., Vinsky, M., Dugan, M. E. R., & McAllister, T. A. (2012). Association Analyses of Single Nucleotide Polymorphisms in Bovine Stearoyl-Coa Desaturase and Fatty Acid Synthase Genes with Fatty Acid Composition in Commercial Cross-Bred Beef Steers. *Animal Genetics*, 43(1), 93–97.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02217.x>

- Li, X. Z., Yan, C. G., Gao, Q. S., Yan, Y., Choi, S. H., & Smith, S. B. (2018). Adipogenic/Lipogenic Gene Expression and Fatty Acid Composition in Chuck, Loin, and Round Muscles in Response to Grain Feeding of Yanbian Yellow Cattle. *Journal of Animal Science*, 96(7), 2698–2709.
<https://doi.org/10.1093/jas/sky161>
- Schoeck, A. P., Jordan, D. M., Loh, P. R., Gazal, S., O'Connor, L. J., Balick, D. J., Palamara, P. F., Finucane, H. K., Sunyaev, S. R., & Price, A. L. (2019). Quantification of Frequency Dependent Genetic Architectures in 25 UK Biobank Traits Reveals Action of Negative Selection. *Nature Communications*, 10(1).
<https://doi.org/10.1038/s41467-019-10842-6>
- Li, Y., Wu, S., Zhao, X., Hao, S., Li, F., Wang, Y., Liu, B., Zhang, D., Wang, Y., & Zhou, H. (2023). Key Events in Cancer: Dysregulation of SREBPs. *Frontiers in Pharmacology*, 14, 1–19.
- Matsuda, K. (2017). *PCR-Based Detection Methods for Single-Nucleotide Polymorphism or Mutation: Real-Time PCR and Its Substantial Contribution Toward Technological Refinement*. In Advances in Clinical Chemistry, 1st ed., Vol. 80. Elsevier Inc.
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Pres. New York.
- Nei, M & S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Genetics*. Oxford University Press, New York.
- Shaul, O. (2017). How Introns Enhance Gene Expression. *International Journal of Biochemistry and Cell Biology*, 91, 145–155.
<https://doi.org/10.1016/j.biocel.2017.06.016>
- Snijman, M., & Xu, S. (2023). The Effects of Mutations on Gene Expression and Alternative Splicing. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 290(2002).
<https://doi.org/10.1098/rspb.2023.0565>
- Stenson, P. D., Mort, M., Ball, E. V., Evans, K., Hayden, M., Heywood, S., Hussain, M., Phillips, A. D., & Cooper, D. N. (2017). The Human Gene Mutation Database: Towards a Comprehensive Repository of Inherited Mutation Data for Med-Cal Research, Genetic Diagnosis and Next-Generation Sequencing Studies. *Human Genetics*, 136(6), 665–677.
<https://doi.org/10.1007/s00439-017-1779-6>

- Suza, W., & Lee, D. (2024). *Genetics, Agriculture* (1st ed.). Iowa State University Digital Press.
- Tawaf, R. (2017). Karakteristik Usahaternak Sapi Pasundan Di Jawa Barat. *Jurnal Nukleus Peternakan*, 4(1), 95–101.
<https://doi.org/https://doi.org/10.35508/nukleus.v4i1.818>
- Vázquez-Mosquera, J. M., Fernandez-Novo, A., de Mercado, E., Vázquez-Gómez, M., Gardon, J. C., Pesántez-Pacheco, J. L., Revilla-Ruiz, Á., Patrón-Collantes, R., Pérez-Solana, M. L., Villagrá, A., Martínez, D., Sebastián, F., Pérez-Garnelo, S. S., & Astiz, S. (2023). Beef Nutritional Characteristics, Fat Profile and Blood Metabolic Markers from Purebred Wagyu, Crossbred Wagyu and Crossbred European Steers Raised on a Fattening Farm in Spain. *Animals*, 13(5).
<https://doi.org/10.3390/ani13050864>
- Wang, Y., Liu, J., HUANG, B., Xu, Y.-M., Li, J., Huang, L.-F., Lin, J., Zhang, J., MIN, Q.-H., Yang, W.-M., & Wang, X.-Z. (2015). Mechanism of Alternative Splicing and its Regulation. *Biomedical Reports*, 3(2), 152–158.
<https://doi.org/10.3892/br.2014.407>
- Wen, G., Pachner, L. I., Gessner, D. K., Eder, K., & Ringseis, R. (2016). Sterol Regulatory Element-Binding Proteins are Regulators of The Sodium/Iodide Symporter in Mammary Epithelial Cells. *Journal of Dairy Science*, 99(11), 9211–9226.
<https://doi.org/10.3168/jds.2016-11174>
- Wood, J. D., Enser, M., Fisher, A. V., Nute, G. R., Sheard, P. R., Richardson, R. I., Hughes, S. I., & Whittington, F. M. (2008). Fat Deposition, Fatty Acid Composition and Meat Quality: A Review. *Meat Science*, 78(4), 343–358.
<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2007.07.019>