
IDENTIFIKASI KERAGAMAN GEN FASN (*FATTY ACID SYNTHASE*) SEBAGAI KANDIDAT GEN KUALITAS DAGING PADA SAPI PASUNDAN BETINA

IDENTIFICATION OF FASN (FATTY ACID SYNTHASE) GENE DIVERSITY AS A CANDIDATE GENE FOR MEAT QUALITY IN FEMALE PASUNDAN CATTLE

Received : Apr 21th 2025

Accepted : July 30th 2025

Verlia Dwi Putri^{*1}

Novi Mayasari²

Iman Hernaman²

Diky Ramdani³

Erni Sulastri⁴

Nena Hilmia³

¹Program Studi ilmu Peternakan
Fakultas Peternakan Universitas
Padjadjaran

²Departemen Nutrisi Ternak dan
Teknologi Pakan, Fakultas
Peternakan, Universitas Padjadjaran

³Departemen Produksi Ternak,
Fakultas Peternakan, Universitas
Padjadjaran

⁴Balai Perbibitan dan
Pengembangan Inseminasi Buatan
Ternak Sapi Potong Ciamis, Ciamis

*Korespondensi:

Verlia Dwi Putri

Program Studi ilmu Peternakan
Fakultas Peternakan Universitas
Padjadjaran

Jalan Ir. Soekarno km.21
Jatinangor, Kabupaten Sumedang
45363 Jawa Barat, Indonesia

e-mail:

verlia21001@mail.unpad.ac.id

Abstract. Pasundan cattle are one of Indonesia's local cattle that have the potential to be developed, especially in terms of meat quality. Meat quality is strongly influenced by fatty acid composition, which is closely related to gene regulation. This study aims to identify the diversity of the FASN (fatty acid synthase) gene as a candidate gene for meat quality in female Pasundan cattle. This study used an experimental descriptive method with 25 DNA samples of female Pasundan cattle with an age range of 1,5-2 years. DNA amplification using PCR was performed with specific primers designed with NCBI Primer Blast, flanking the target gene along 560 bp. The analysis was followed by PCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) method using MscI enzyme to detect single nucleotide polymorphism (SNP) g.17924 A>G in exon 39 and confirm the target mutation using direct sequencing method. The results showed only one genotype, the GG genotype (100%), with a G allele frequency of 1.00. Based on these results, it can be concluded that the FASN gene mutation g.17924 A>G mutation in Pasundan cattle is monomorphic. SNP g.17924 A>G in the FASN gene has the potential to affect the fatty acid composition of Pasundan female beef.

Keywords : *Fatty Acid, FASN, Meat Quality, Pasundan Cattle*

Sitasi :

Putri, V, D., Mayasari, N., Hernaman, I., Ramdani, D., Sulastri, E. & Hilmia, N. (2025). Identifikasi Keragaman Gen FASN (*Fatty Acid Synthase*) sebagai Kandidat Gen Kualitas Daging pada Sapi Pasundan Betina. *Jurnal Teknologi Hasil Peternakan*, 6(2): 44-58

PENDAHULUAN

Sapi Pasundan merupakan salah satu rumpun yang telah ditetapkan berdasarkan dengan Keputusan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 1051/Kpts/RI/SR.10/2014. Sapi Pasundan dispesifikasikan sebagai bangsa *Bos sondaicus* yang merupakan hasil adaptasi lebih dari sepuluh generasi antara *Bos sondaicus* serta sapi lokal lainnya (Arifin & Sulasmi, 2019). Sapi Pasundan memiliki potensi kualitas daging yang cukup baik, meskipun karakteristik ukuran tubuhnya cenderung kecil dan pendek. Salah satu keunggulan yang dimiliki Sapi Pasundan adalah persentase karkas yang cukup tinggi, rata – rata bobot karkas Sapi Pasundan jantan mencapai 53% serta proporsi non karkas 47%, sedangkan Sapi Pasundan betina memiliki rata – rata bobot karkas 52% serta proporsi non karkas 48% (Setiawati, dkk. 2018). Dalam industri peternakan, salah satu faktor penentu kualitas daging adalah komposisi asam lemak. Komposisi asam lemak dalam daging terdiri atas asam lemak tak jenuh yang berikatan tunggal (*saturated fatty acid/SFA*) dan asam lemak tak jenuh (*unsaturated fatty acid/UFA*), dimana asam lemak tak jenuh terbagi menjadi dua yakni asam lemak tak jenuh berikatan tunggal (*monounsaturated fatty acid/MUFA*) dan asam lemak tak jenuh berikatan ganda (*polyunsaturated fatty acid/PUFA*) (Dinh, dkk. 2021). Komposisi asam lemak berperan dalam menentukan nilai gizi daging serta berbagai aspek kualitas daging yang meliputi rasa dan waktu penyimpanan.

Menurut Hilmia (2022), sapi Rancah yang merupakan cikal bakal dari Sapi Pasundan, memiliki kandungan asam lemak tak jenuh baik PUFA maupun MUFA yang lebih tinggi dibandingkan dengan sapi PO. Komposisi asam lemak dalam daging sapi Rancah yang merupakan cikal bakal dari Sapi Pasundan menunjukkan kandungan lemak total sebesar 1,25%, dengan proporsi SFA sebesar 33,45%. Dari total SFA tersebut, asam palmitat memiliki kandungan sebesar 17,05% dan asam stearat 13,35%. Sementara itu, kandungan MUFA mencapai 25,70%, yang terdiri atas asam palmitoleat 1,97% dan asam oleat 22,93%. Untuk kandungan PUFA sebesar 3,79%, yang terdiri dari asam linoleic 2,05% dan asam linolenic 0,34%. Rasio MUFA:SFA sebesar 0,76%; PUFA:SFA 0,12%; palmitoleat:palmitat 0,11% dan oleat:stearate 1,76%. Keunggulan ini diduga berkaitan dengan faktor genetik yang berperan dalam mengatur biosintesis *de novo* asam lemak rantai panjang diantaranya adalah gen FASN (*fatty acid synthase*). FASN merupakan kompleks enzim multifungsi yang berperan sentral dalam metabolisme lipid mamalia dan mengatur biosintesis *de novo* asam lemak rantai panjang. Profil asam lemak pada jaringan ruminansia dianggap dipengaruhi oleh FASN melalui keterlibatannya dalam jalur sintesis MUFA serta penggabungannya ke dalam triasilgliserol dan fosfolipid (Pećina & Ivanković, 2021; Zalewska, dkk. 2021). FASN telah diidentifikasi sebagai gen terpenting yang berhubungan dengan kandungan asam lemak

pada susu dan daging, hal ini dikarenakan perannya dalam proses pembentukan lemak baru pada hewan. Gen FASN sapi memiliki panjang 19770 bp dan terdiri dari 42 ekson dan 41 intron (Oztabak, dkk. 2014).

Domain TE (*thioesterase*) merupakan bagian dari kompleks FASN yang berperan krusial dalam proses akhir pembentukan lemak. Saat proses akhir pembentukan asam lemak, domain TE berfungsi menghentikan sintesis dan melepaskan asam lemak jenuh (SFA), seperti asam palmitat. Domain TE dapat bekerja dengan substrat asam lemak rantai pendek (C14) dan rantai panjang (16), namun lebih efektif pada asam lemak rantai panjang (C16). Dengan demikian, domain TE berperan utama dalam menentukan panjang rantai asam lemak yang ditentukan, yang merupakan faktor dalam memengaruhi kualitas dan karakteristik akhir lemak (Zhang, dkk. 2008). Selain fungsi tersebut, variasi pada domain TE antarindividu atau antar hewan dapat memengaruhi perbedaan komposisi asam lemak yang dihasilkan. Struktur domain TE dirancang untuk menampung rantai asam lemak panjang dan melepaskannya ketika mencapai panjang optimal yakni 16 karbon. Domain TE tidak hanya berperan dalam mengakhiri proses sintesis, tetapi juga mengontrol sifat dan kualitas lemak yang dihasilkan. Hal ini berdampak langsung pada perbedaan komposisi asam lemak antar hewan dan kualitas produk akhirnya (Abe, dkk. 2009; Zalewska, dkk. 2021).

Polimerfisme g.17924 A>G pada ekson 39 pada domain TE akan mengubah struktur asam amino pada protein FASN, yakni dari treonin (ACC) menjadi alanin (GCC). Polimerfisme g.17924 A>G secara signifikan berhubungan dengan jumlah SFA dan MUFA pada lemak trigliserida, serta dengan jumlah MUFA dan PUFA pada fosfolipid. Alel A pada polimerfisme g.17924 A>G cenderung menghasilkan daging dengan kandungan SFA yang lebih tinggi dan MUFA yang lebih rendah, sedangkan pada Alel G cenderung menghasilkan daging dengan kandungan SFA yang lebih rendah dan MUFA yang lebih tinggi. Menurut Zhang (2008), sapi dengan lebih banyak alel G (Genotipe GG) memiliki daging dengan komposisi asam lemak yang lebih baik. Sapi dengan genotip GG berkorelasi dengan peningkatan kandungan MUFA, terutama asam oleat yang dianggap lebih sehat, serta penurunan kadar SFA, sehingga menghasilkan daging yang lebih baik, empuk dan sehat. Sebaliknya, sapi dengan genotipe AA memiliki kandungan SFA lebih tinggi, terutama asam miristat dan palmitat dengan kandungan MUFA yang lebih rendah. Hal ini membuat daging sapi dengan genotipe A cenderung lebih keras dan kurang sehat. Serta sapi dengan genotipe AG merupakan heterozigot, dimana genotipe ini menunjukkan hasil antara genotipe AA dan GG, baik dalam komposisi SFA maupun MUFA pada sapi Angus (Zhang, dkk. 2008). Pada sapi persilangan Angus dan Charolais, genotipe AA berkaitan

dengan konsentrasi SFA yang lebih tinggi dan MUFA yang lebih rendah, genotipe GG berkaitan dengan MUFA yang lebih tinggi serta menurunkan kadar SFA, dan genotipe AG menunjukkan hasil antara genotipe AA dan GG dalam hal komposisi asam lemak. Pada sapi persilangan Angus dan Charolais, genotipe AG sebanyak 51,1%, genotipe AA sebanyak 28,7% dan genotipe GG sebanyak 20,2% (Li, dkk. 2012). Pada sapi *East Anatolian Red* (EAR) dan *South Anatolian Red* (SAR), genotipe GG lebih dominan dengan frekuensi 69% dan 43% dibandingkan dengan genotipe lainnya, genotipe GG berkontribusi pada kandungan MUFA yang lebih tinggi terutama asam oleat dan menurunkan kadar SFA seperti asam palmitat dan asam miristat (Oztabak, dkk. 2014). Pada sapi Korea, genotipe GG memiliki rasio penampilan kualitas daging yang lebih tinggi pada kelas tertinggi daripada genotipe lainnya yang memiliki efek pada peningkatan pengendapan lemak pada jaringan *longissimus dorsi* (Oh, dkk. 2018). Informasi mengenai pengaruh keragaman gen FASN sebagai kandidat gen yang berkaitan dengan kualitas daging sapi lokal, termasuk Sapi Pasundan masih sangat terbatas. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui apakah terdapat mutasi dan bagaimana bentuk mutasi polimerfisme g.17924 A>G ekson 39 gen FASN pada Sapi Pasundan betina.

MATERI DAN METODE

1. Materi Penelitian

Materi pada penelitian ini adalah 25 sampel DNA yang diekstrak dari darah Sapi Pasundan betina dengan rentang umur 1 – 2,5 tahun. Sapi Pasundan betina dipelihara di *Teaching Farm* sapi potong Ciparanje, Fakultas Peternakan, Universitas Padjadjaran dengan pemberian pakan campuran 70% jerami padi dan 30% konsentrat.

2. Metode Penelitian

Metode penelitian yang digunakan adalah metode deskriptif eksploratif, yakni penelitian dengan mengeksplorasi mutasi SNP g. 17924 A>G pada sekuen nukleotida gen FASN ekson 39 menggunakan metode PCR – RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). Kemudian untuk memastikan mutasi yang terdapat pada gen FASN dilakukan *sequencing / direct sequencing*.

2.1 Amplifikasi DNA

DNA diekstrak dari darah Sapi Pasundan betina, menggunakan *Genomic DNA Purification Kit* merek Promega®. Kemudian DNA di amplifikasi menggunakan sepasang primer *forward* (F) 5'-CTGGTATCTTGCCCCCTC-TTCAC-3' dan primer *reverse* (R) 5'-CACACCTTCGTCATGGCCTA'3'. Primer tersebut dirancang sesuai dengan sekuen DNA target yang dapat mengamplifikasi fragmen ekson 39 (nomor akses GenBank : AF285607) *Bos Taurus* dengan panjang 560 bp. Amplifikasi target gen FASN dilakukan menggunakan *Green Master Mix* dari Promega® dengan mesin PCR *Long-Gene® A600*. Komponen yang diguna-

kan meliputi sampel DNA sebanyak 2 μ l, *nuclease free water* 9,5 μ l, primer *forward* (F) dan *reverse* I masing – masing 0,5 μ l dan *Green Master Mix* 12,5 μ l.

Amplifikasi DNA melalui PCR dimulai dengan proses predenaturasi pada suhu 94°C selama 2 menit, dilanjutkan denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 59°C selama 1 menit, *extension* pada suhu 72°C selama 1 menit, kemudian *final extension* pada suhu 72°C selama 5 menit. Amplifikasi DNA dilakukan sebanyak 35 kali. Hasil Amplifikasi dievaluasi menggunakan elektroforesis agarose 1,5% mengandung 0,8 gr Ds.Red kemudian divisualisasi menggunakan *gel doc* elektroforesis.

Pengkajian untuk mendeteksi adanya mutasi pada sekuen ekson 39 pada SNP g.17924, dilakukan dengan PCR – RFLP produk PCR dengan menggunakan *enzim restricted*. Enzim yang digunakan adalah enzim restriksi *MscI* (Oztabak, dkk. 2014) yang akan memotong pada sekuen spesifik dengan potongan 5'-TGG↓CCA-3' atau 3'-ACC↑GGT-5'. Bahan yang digunakan adalah produk PCR 10 μ l, enzim *MscI* 1 μ l, R Buffer 0,7 μ l dan *nuclease free water* 1 μ l. Sampel kemudian diinkubasi pada suhu 37°C selama 4 jam. Produk PCR setelah inkubasi kemudian dievaluasi menggunakan elektroforesis agarose untuk melihat mutasi dari hasil pemotongan oleh enzim tersebut. DNA dievaluasi menggunakan elektroforesis agarose 1,5% mengandung 0,8 gr Ds.Red

kemudian divisualisasi menggunakan *gel doc* elektroforesis. Penentuan genotipe ditentukan berdasarkan situs pengenalan enzim pada gen FASN posisi 17924 A>G, kemudian di konfirmasi dengan metode *direct sequencing* yang dilakukan setelah terindikasi adanya mutasi. Hasil *direct sequencing* di alignment menggunakan program BIOEDIT dan MEGA 11, selanjutnya di analisis posisi SNP nya dan dilakukan *genotyping*.

2.2 Analisis Statistik

Analisis data dilakukan secara deskriptif eksploratif menggunakan rumus nilai frekuensi alel dan genotipe diperoleh dengan menggunakan rumus Nei (1987).

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

$$\chi_{ii} = \frac{n_{ij}}{N} \times 100\%$$

Keterangan :

χ_i = frekuensi alel ke-i

χ_{ii} = frekuensi genotipe

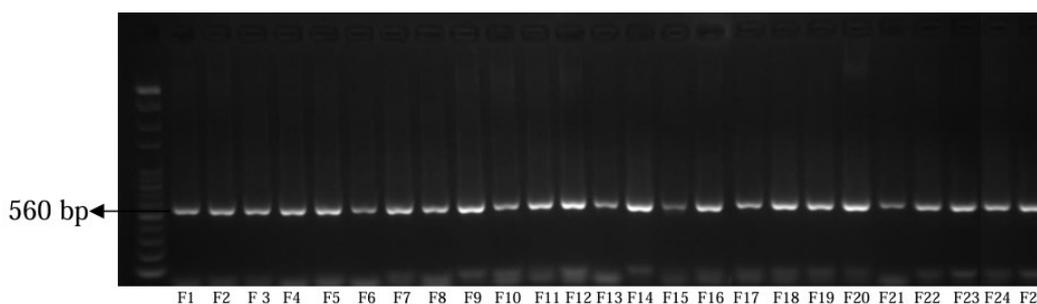
n_{ij} = jumlah individu homozigot alel ke-i

n_{ij} = jumlah individu heterozigot

N = jumlah individu sampel

HASIL DAN PEMBAHASAN

FASN (*fatty acid synthase*) adalah kompleks enzim multifungsi, yang berperan sentral dalam metabolisme lipid mamalia dan mengatur biosintesis de novo asam lemak rantai panjang. Gen FASN pada sapi terletak di kromosom 19, yang terdiri dari 42 ekson dan 41 intron. Sekuen target gen FASN pada penelitian ini berada pada domain TE (*thioesterase*) ekson 39



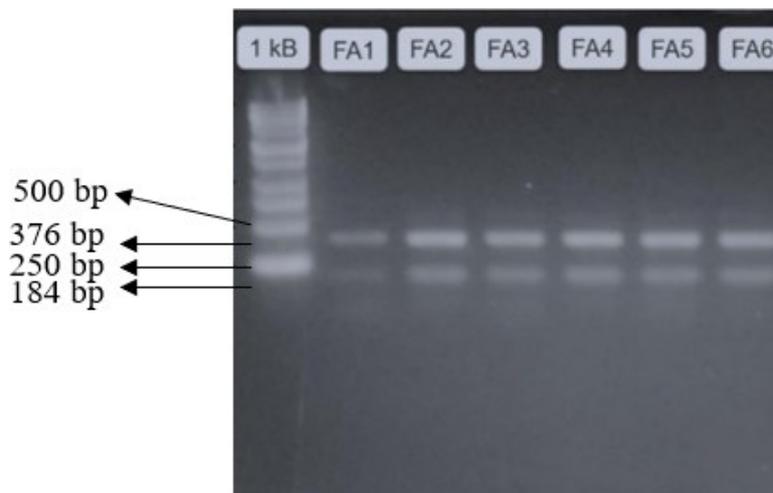
Gambar 1 Hasil Amplifikasi Gen FASN 560 bp

nukleotida g.17924 A>G. Perbanyakkan sekuen DNA gen FASN pada penelitian ini mencakup ekson 39, intron 39 dan ekson 40 sepanjang 560 bp (*base pair*). Amplifikasi fragmen berhasil dilakukan menggunakan primer yang dirancang dengan program Primer-Blast NCBI dengan nomor akses *GenBank* : AF285607 sapi bangsa *Bos taurus*. Hasil amplifikasi disajikan pada Gambar 1.

Berdasarkan data *GenBank* : AF285607 FASN pada *Bos taurus* memiliki panjang 19770 bp. Gen FASN terdiri dari promotor, 5'UTR (*untranslated region*), ekson, intron dan 3'UTR. Target fragmen gen FASN pada penelitian ini adalah ekson 39. Ekson adalah urutan DNA yang mengkode protein dengan mengkode setiap asam amino dari triplet nukleotida atau yang disebut juga kodon (Alberth, 2017., Agoes, dkk. 2014). Identifikasi sekuen target g. 17924 A>G yang terletak pada ekson 39, dievaluasi dari produk PCR berukuran 560 bp. Selanjutnya untuk mengetahui mutasi target dilakukan pemotongan produk PCR dengan menggunakan teknik PCR – RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorfism*) menggunakan enzim restriksi *MscI* (Oztabak, dkk. 2014).

Enzim *MscI* memiliki sekuen pengenalan 5'-TGGCCA-3' atau 3'-ACCGGT-5', sehingga pemotongan terjadi ketika enzim mengenali daerah tersebut sebagai situs potong. Sekuen 5'-TGGCCA-3' atau 3'-ACCGGT-5' merupakan runtutan nukleotida gen FASN ekson 39 dari *Bos taurus* yang tidak mengalami mutasi pada sekuen nukleotidanya. Sedangkan sekuen nukleotida yang mengalami mutasi pada g.17924 adalah 5'-TGGCCG-3', dimana sekuen tersebut tidak termasuk dalam situs pengenalan enzim *MscI*, sehingga enzim tidak dapat melakukan pemotongan pada daerah tersebut. Berdasarkan hal tersebut, enzim *MscI* akan menampilkan band yang terpotong menjadi tiga band pada sapi yang tidak bermutasi dan dua band ataupun tidak terpotong pada sapi yang bermutasi. Hasil PCR – RFLP menggunakan enzim *MscI* menunjukkan produk PCR sepanjang 560 bp terpotong menjadi dua band seperti yang disajikan pada Gambar 2.

Hasil PCR – RFLP menunjukkan adanya band yang terpotong menjadi sepanjang 376 bp dan 184 bp. Potongan ini mengindikasikan keberadaan sekuen nukleotida TGGCCG. Keberadaan fragmen DNA berukuran 376 bp dan 184 bp mengkonfirmasi terdeteksi



Gambar 2 Hasil PCR - RFLP Gen FASN

mutasi gen FASN SNP g.17924 A>G pada sekuens pengenalan TGGCCA. Perubahan spesifik pada sekuens gen FASN ekson 39 titik mutasi g.17924 A>G, menyebabkan perubahan dalam pengkodean asam amino dari Treonin menjadi Alanin atau menunjukkan adanya mutasi.

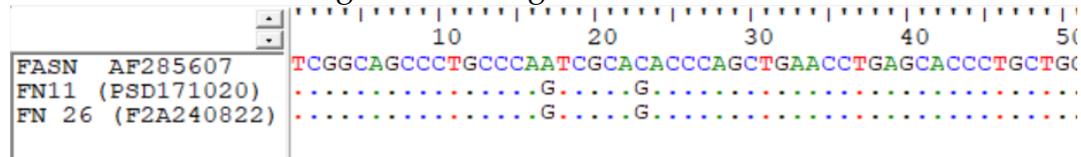
Setelah menduga adanya mutasi pada SNP g.17924 A>G FASN ekson 39 untuk mengkonfirmasi hasil kemudian dilakukan *direct sequencing* 2 sampel. Hasil *sequencing* yang telah di *alignment* menggunakan *software* Bioedit dan Mega 11 menunjukkan mutasi pada SNP g.17924 A>G pada 2 sampel Sapi Pasundan betina. Mutasi pada sekuens tersebut ditunjukkan pada Gambar 3. Penemuan mutasi pada sekuens g.17924 A>G pada ekson 39 gen FASN di Sapi Pasundan betina juga telah dilaporkan pada beberapa ras sapi lainnya, dengan titik mutai dan lokasi ekson yang sama, seperti pada sapi Angus (Zhang, dkk. 2008), sapi Turkey (Oztabak, dkk. 2014), sapi Fleckvieh Bulls (Bartoň, dkk. 2016) dan

pada sapi Korea (Oh, dkk. 2018). Mutasi ini termasuk dalam varian fungsional karena berasosiasi dengan karakteristik metabolisme lemak, seperti kandungan asam lemak tak jenuh dan tingkat deposisi lemak intramuscular. Oleh karena itu, keberadaan mutasi g.17924 A>G memiliki potensi sebagai penanda genetik dalam sifat kualitas daging sapi.

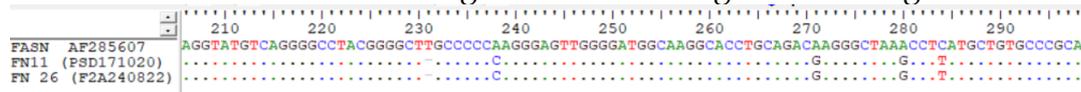
Hasil *direct sequencing* dalam penelitian ini tidak hanya mengkonfirmasi polimorfisme g.17924 A>G pada ekson 39 gen FASN, tetapi juga ditemukan beberapa mutasi baru. Ditemukan dua titik mutasi baru pada ekson 39 pada titik sekuens dengan kode SNP g.17776 A>G dan g.17782 C>G yang disajikan pada Gambar 4. Lima mutasi baru pada intron 39 ditemukan pada titik sekuens dengan kode SNP g.17990 yang menyebabkan penghilangan satu basa atau delesi, g.17997 A>C, g.18030 A>G, g.18039 A>G, serta teridentifikasi SNP g.18043 C>T sesuai dengan penemuan Bhuiyan, dkk. (2009) yang disajikan



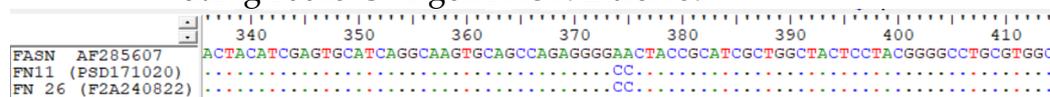
Gambar 3 Mutasi SNP g.17924 A>G gen FASN ekson 39



Gambar 4 Mutasi SNP g.17776 A>G dan g.17782 C>G gen FASN ekson 39



Gambar 5 Mutasi SNP g.17990 delesi, g.17997 A>C, g.18030 A>G, g.18039 A>G dan g.18043 C>T gen FASN intron 39



Gambar 6 Mutasi SNP g.18133 A>C dan g.18134 A>C gen FASN ekson 40

pada Gambar 5. Serta dua mutasi baru pada ekson 40 ditemukan pada titik sekuen dengan kode SNP g.18133 A>C dan g.18134 A>C yang menyebabkan mutasi substitusi dinukleotida. Mutasi pada sekuen tersebut disajikan pada Gambar 6.

Hasil *direct sequencing* mengkonfirmasi adanya perubahan basa nitrogen pada sekuen nukleotida. Adapun berdasarkan hasil *direct sequencing*, mutasi dan perubahan basa nitrogen disajikan pada Tabel 1.

Bentuk mutasi yang terjadi pada ekson 39 SNP g.17776 A>G dan SNP g.17924 A>G merupakan substitusi transisi, dimana mutasi pada titik SNP g.17776 A>G merupakan mutasi *synonymous* atau *silent mutation* yang berarti tidak mengubah asam amino, meskipun menyebabkan perubahan nukleotida CAA menjadi CAG, namun kedua nukleotida tersebut sama – sama

mengkodekan asam amino Glutamine. Mutasi pada titik g.17924 A>G merupakan mutasi *non – synonymous* atau *missense* yang merubah basa nitrogen Adenin menjadi Guanin. Mutasi pada sekuen g.17924 A>G menyebabkan perubahan nukleotida ACC menjadi GCC, yang mengubah asam amino yang dikodekan dari Treonin menjadi Alanine. Sedangkan pada titik SNP g.17782 C>G merupakan substitusi transversi, mutasi *non – synonymous* atau *missense* yang merubah basa nitrogen Cytosin menjadi Guanin. Mutasi pada sekuen g.17782 C>G menyebabkan perubahan nukleotida CAC menjadi CAG, yang mengubah asam amino yang dikodekan dari Histidin menjadi Glutamin.

Bentuk mutasi pada daerah intron 39 SNP g.17990 merupakan mutasi delesi atau penghilangan satu

Tabel 1 Perubahan nukleotida pada gen FASN ekson 39, intron 39 dan ekson 40

Lokasi	SNP	Perubahan Nukelotida	Jenis Variasi
Ekson 39	g.17776	A>G	Transisi
	g.17782	C>G	Transversi
	g.17924	A>G	Transisi
Intron 39	g.17990	-	Delesi
	g.17997	A>C	Transversi
	g.18030	A>G	Transisi
	g.18039	A>G	Transisi
	g.18043	C>T	Transisi
Ekson 40	g.18133	A>C	Transversi
	g.18134	A>C	Transversi



Gambar 7 Perubahan Asam Amino mutasi ekson 39



Gambar 8 Perubahan asam amino mutasi ekson 40

basa, SNP g.17997 A>C merupakan substitusi transversi, dan SNP g.18030 A>G; g.18039 A>G dan g.18043 C>T merupakan substitusi transisi. Serta pada ekson 40 SNP g.18133 A>C dan g.18234 A>C merupakan substitusi transversi. Mutasi yang terjadi pada ekson 40 merupakan mutasi substitusi dinukleotida, dimana dua nukleotida berurutan dalam DNA digantikan oleh dua nukelotida lainnya, perubahan yang terjadi adalah nukleotida AAC menjadi CCC, mengubah asam amino Asparagin menjadi Prolin. Mutasi pada daerah intron dapat menyebabkan gangguan transkripsi, efek terhadap stabilitas mRNA, dan dapat memengaruhi gangguan pada ekspresi gen (Shaul, 2017).

Perubahan mutasi yang telah di *alignment* menggunakan *software* MEGA 11 ditunjukkan pada Gambar 7 dan Gambar 8.

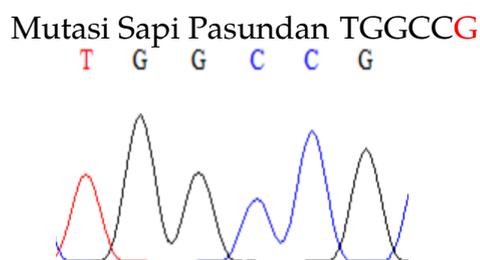
Mutasi merupakan perubahan materi genetik, baik pada tingkat nukleotide maupun kromosom yang diwariskan pada keturunannya. Mutasi dapat diakibatkan oleh faktor – faktor mutagenic eksternal seperti radiasi, bahan kimia (mutagen), atau virus yang dapat mengganggu keutuhan saat replikasi DNA, serta kesalahan replikasi yang terjadi selama meiosis juga dapat menjadi sumber mutasi. Terdapat pula mutasi yang tidak jelas mutagennya, yang diperkirakan timbul akibat kelalaian atau kekeliruan mekanisme metabolisme seluler. Hal

ini dianggap sebagai hasil dari probabilitas, bukan karena faktor eksternal melainkan karena kebetulan belaka (Khairani, dkk. 2024).

1. Frekuensi Alel dan Genotipe SNP g.17924 A>G pada ekson 39 Gen FASN

Frekuensi alel adalah perbandingan antara suatu alel dengan total alel pada lokus gen dalam suatu populasi (Sutikno, dkk. 2020). Berdasarkan mutasi target g.17924 A>G pada ekson 39 gen FASN, terdapat dua alel yakni alel A dan alel G. Dimana kedua alel tersebut dapat dilihat berdasarkan hasil dari PCR – RFLP pada Gambar 2, yang menunjukkan adanya dua band dengan panjang yang berbeda (376 bp dan 184 bp). Keberadaan alel A dapat diketahui dengan adanya band yang terpotong dari 560 bp menjadi 209 bp, 167 bp dan 184 bp pada saat PCR – RFLP, sedangkan alel G diketahui dengan keberadaan band yang terpotong dari 560 bp menjadi 376 bp dan 184 bp. Berdasarkan hasil PCR – RFLP, 25 sampel Sapi Pasundan SNP g.17924 A>G pada ekson 39 gen FASN menunjukkan semua band terpotong oleh enzim *MscI*, yang menandakan seluruh sampel tersebut merupakan alel G. Hal ini didukung oleh hasil

direct sequencing 2 sampel yang disajikan pada Gambar 9. Selain itu, analisis kromatogram pada Gambar 5 memberikan konfirmasi bahwa mutasi yang teridentifikasi dalam penelitian ini adalah homozigot.



Gambar 9 Kromatogram titik mutasi g.17924 A>G

Adapun perhitungan frekuensi alel dan genotip SNP g.17924 A>G ekson39 gen FASN pada Sapi Pasundan disajikan pada tabel 2.

Berdasarkan tabel 2, menunjukkan bahwa frekuensi genotip dominan pada gen FASN pada Sapi Pasundan betina adalah genotip GG dengan frekuensi sebesar 1,00 (100%). Frekuensi genotip GG yang dominan pada populasi Sapi Pasundan betina menunjukkan tingkat homozigositas yang tinggi. Ketidak munculan genotip AA atau AG mengindikasikan hilangnya alel A dari populasi. Berdasarkan pada mutasi g.17924 A>G, dapat dinyatakan bahwa gen FASN

Tabel 2 Frekuensi Alel dan Genotip Gen FASN

Genotip	Frekuensi Alel		Individu	Frekuensi Genotip	Persentase
	A	G			
AA			0	0,00	0%
GG	0,00	1,00	25	1,00	100%
AG			0	0,00	0%
Total	100%		25	1,00	100%

Keterangan : GG = homozigot G; AA = homozigot A; AG = heterozigot

Frekuensi genotip GG yang dominan pada populasi Sapi Pasundan betina menunjukkan tingkat homozigositas yang tinggi. Ketidak munculan genotip AA atau AG mengindikasikan hilangnya alel A dari populasi. Berdasarkan pada mutasi g.17924 A>G, dapat dinyatakan bahwa gen FASN pada Sapi Pasundan betina monomorfik (seragam). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Nei dan Kumar (2002) dalam Afriani, dkk. (2022), yang mengungkapkan bahwa suatu gen diklasifikasi sebagai polimorfik atau beragam apabila frekuensi salah satu alelnya kurang dari 99%. Sebaliknya, gen tersebut dianggap monomorfik atau seragam jika frekuensi alelnya mencapai 99%. Senada dengan itu, Allendorf & Luikart (2007) dalam Anwar, (2016), menyatakan bahwa suatu lokus genetik dianggap polimorfik jika frekuensi alel yang paling umum (*most common allele*) kurang dari 0,99 (99%) sedangkan lokus yang diklasifikasikan sebagai monomorfik jika hanya satu alel yang terdeteksi atau jika alel yang paling umum memiliki frekuensi yang sangat tinggi lebih dari 95% atau 99%.

Mutasi target SNP g.17924 A>G pada penelitian ini mengubah asam amino dari Threonin menjadi Alanin. Berdasarkan mutasi yang teridentifikasi Sapi Pasundan memiliki mutasi tersebut dengan frekuensi genotip AA (0%) dan GG (100%). Beberapa penelitian menunjukkan mutasi pada posisi tersebut memengaruhi terhadap komposisi asam lemak jaringan adiposa sapi. Menurut Zhang, dkk.

(2008), pada fraksi fosfolipid (PL) genotip GG menghasilkan asam oleat (C18:1), asam dokosapentaenoat (C20:5, DPA) dan total MUFA yang tinggi dibandingkan dengan genotip AA. Sedangkan genotip AA memiliki kandungan asam eicosatrienoat (C20:3) dan total PUFA yang lebih tinggi serta total MUFA yang rendah. Pada fraksi *triacylglycerol* (TAG) genotip GG memiliki asam miristat (C14:0) yang rendah dibanding genotip AA atau AG, rasio asam palmitat (C16:0) dan asam miristat (C14:0), kandungan asam oleat (C18:1) dan total MUFA yang lebih tinggi dibandingkan dengan kedua genotip lainnya. Genotip AG memiliki persentase asam miristat (C14:0) yang lebih rendah dibanding genotip AA dan kandungan asam oleat (C18:1) yang lebih tinggi dibanding genotip AA. Hasil serupa juga dilaporkan oleh Oztabak, dkk. (2014), dimana frekuensi genotip GG tertinggi dikaitkan dengan peningkatan kandungan asam lemak tak jenuh. Penelitian Bartoň, dkk. (2016), menyatakan bahwa pada lemak otot dan lemak subkutan, genotip GG memiliki kandungan asam oleat (C18:1n-9), total MUFA, rasio MUFA/SFA yang lebih tinggi dan indeks atherogenic (AI) yang lebih rendah. Sedangkan genotip AA memiliki asam miristat (C14:0), asam palmitat (C16:0) dan total SFA yang lebih tinggi dan asam miristoleat (C14:1 n-5) yang lebih rendah. Oh, dkk. (2018) juga menambahkan bahwa genotipe GG memiliki rasio penampilan kualitas daging yang lebih tinggi pada kelas tertinggi daripada genotipe lainnya yang

memiliki efek pada peningkatan ingandapan lemak pada jaringan *longissimus dorsi*. Meskipun dalam penelitian ini tidak mencakup analisis kualitas fisik dan kimiawi daging Sapi Pasundan secara langsung, genotip GG pada SNP g.17924 A>G yang dimiliki seluruh individu Sapi Pasundan betina menunjukkan kemiripan dengan genotip sapi lain yang telah diteliti sebelumnya. Sapi Angus menurut Zhang, dkk. (2008), mengungkapkan bahwa genotip GG pada mutasi g.17924 A>G di ekson 39 berasosiasi dengan peningkatan kadar asam oleat dan total MUFA, serta penurunan SFA seperti asam palmitat dan asam miristat. Hal ini berimplikasi pada kualitas daging yang lebih sehat, dengan nilai gizi yang lebih baik dan potensi menurunkan risiko penyakit kardiovaskular. Oztabak, dkk. (2014) pada sapi Turkey, mengidentifikasi mutasi yang sama dan menyatakan bahwa mutasi ini berpotensi digunakan sebagai penanda genetik terhadap sifat – sifat penting kualitas daging, terutama dalam pengaturan komposisi asam lemak. Bartoň, dkk. (2016) pada sapi Fleckvieh Bulls, melaporkan bahwa genotip GG berasosiasi dengan kandungan asam oleat dan total MUFA yang tinggi, serta rasio MUFA/SFA yang lebih baik dibandingkan dengan genotip lainnya. Hal ini berkontribusi terhadap peningkatan kualitas daging melalui profil asam lemak yang lebih sehat. Sedangkan pada sapi Korea (Oh, dkk. 2018), menunjukkan bahwa pada titik mutasi yang sama memiliki rasio pengendapan lemak intramuscular atau

marbling yang lebih tinggi dan kualitas sensorik daging yang lebih baik. Oleh karena itu, keberadaan genotip GG pada Sapi Pasundan dapat menjadi indikasi bahwa Sapi Pasundan berpotensi memiliki kualitas daging yang unggul, terutama dari aspek sintesis dan komposisi asam lemak.

KESIMPULAN

Analisis gen FASN pada populasi Sapi Pasundan betina teridentifikasi memiliki mutasi g.17924 A>G pada ekson 39. Ditemukan 2 mutasi baru pada ekson 39 yakni g.17776 A>G dan g.17782 C>G. Ditemukan mutasi pada intron 39 g.18043 C>T dan 4 mutasi baru yakni mutasi delesi g.17990 dan mutasi substitusi, g.17997 A>C, g.18030 A>G, g.18039 A>G. Serta ditemukan 2 mutasi baru pada ekson 40 yakni mutasi substitusi dinukleotida g.18133 A>C dan g.18234 A>C. Hasil yang diperoleh dari PCR – RFLP mengungkapkan homogenitas genetik dalam Sapi Pasundan betina dengan genotip GG (100%). Frekuensi alel A adalah 0,00 dan frekuensi alel G 1,00. Hal ini menunjukkan gen FASN pada Sapi Pasundan monomorfik. Gen FASN merupakan salah satu kandidat gen penting yang berperan dalam menentukan kualitas daging sapi, karena fungsinya dalam proses sintesis asam lemak. Oleh karena itu, keberadaan mutasi pada titik g.17924 A>G pada Sapi Pasundan betina berpotensi menjadi penanda genetik (*genetic marker*) dalam program seleksi untuk meningkatkan mutu dan kualitas daging sapi lokal.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didukung oleh Dana Hibah Penelitian Kompetensi Dosen Universitas Padjadjaran (RKDU), dengan nomor kontrak 1965/UN6.3.1/PT.00/2024. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Direktorat Penelitian dan Pengabdian kepada Masyarakat (DRPM) Universitas Padjadjaran, Sumedang, Indonesia dan Balai Perbibitan dan Pengembangan Inseminasi Buatan Ternak Sapi Potong *Ciamis, Ciamis*, Indonesia.

DAFTAR PUSTAKA

- Abe, T., Saburi, J., Hasebe, H., Nakagawa, T., Misumi, S., Nade, T., Nakajima, H., Shoji, N., Kobayashi, M., & Kobayashi, E. (2009). Novel mutations of the FASN gene and their effect on fatty acid composition in japanese black beef. *Biochemical Genetics*, 47(5), 397–411.
<https://doi.org/10.1007/s10528-009-9235-5>
- Afriani, T., Purwati, E., Hellyward, J., Jaswandi, J., Mundana, M., Farhana, A., & Rastosari, A. (2022). Identifikasi Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Di Ekson 10 Bagian Awal Pada Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR) Sapi Pesisir. *Jurnal Ilmiah Peternakan Terpadu*, 10(3), 264–276.
<https://jurnal.fp.unila.ac.id/index.php/JIPT/article/view/5507/3811#page=11>
- Agoes, S., Solihah, B., & Pakpahan, A. (2016). Analisis Kinerja Model Pengontrol Ekson DNA menggunakan Metode Model Hidden Markov. *Setrum : Sistem Kendali-Tenaga-Elektronika Telekomunikasi-Komputer*, 3(2), 69.
<https://doi.org/10.36055/setrum.v3i2.500>
- Albert, B., Heald, R., Johnson, A., Morgan, D., Raff, M., Roberts, K., Walter, P. (2017). *Molecular Biology of The Cell* (7th Ed). W.W. Norton & Company.
- Allendorf, F. W., Luikart, G, H. (2007). *Conservation and the Genetics of Population*. Blackwell Publishing. UK.
- Anwar, S. (2016). *Polimorfisme 5' untranslated region gen thyroglobulin (TG5) pada sapi Bali (Bos javanicus)*. 2, 159–164.
<https://doi.org/10.13057/psnmbi/m020207>
- Arifin, J., & Sulasmi. (2019). Jarak Genetik Sapi Pasundan Melalui Pendekatan Kranimetri Antar Wilayah Pangandaran, Tasikmalaya Dan Garut Jawa Barat. *Jurnal Ternak*, 10(1), 12–17.
<https://doi.org/10.30736/jy.v10i1.36>

- Bartoň, L., Bureš, D., Kott, T., & Řehák, D. (2016). Associations of polymorphisms in bovine DGAT1, FABP4, FASN, and PPARGC1A genes with intramuscular fat content and the fatty acid composition of muscle and subcutaneous fat in Fleckvieh bulls. *Meat Science*, 114, 18–23.
<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2015.12.004>
- 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 SREBF1 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>
- Dinh, T. T. N., To, K. V., & Schilling, M. W. (2021). Fatty Acid Composition of Meat Animals as Flavor Precursors. *Meat and Muscle Biology*, 5(1).
<https://doi.org/10.22175/mmb.12251>
- Hilmia, N., Rahmat, D., Edianingsih, P., & Faisal, Y. (2022). Komposisi Asam Lemak Pada Daging Sapi Rancah Dan Peranakan Ongole. *Ziraa'Ah Majalah Ilmiah Pertanian*, 47(3), 425.
<https://doi.org/10.31602/zmip.v47i3.8502>
- Khairani, M., Andin Kinanti, A., Indah Syahfitri, D., Mawla Lubis, F., & Sinurat, Y. (2024). Literatur Review: Perubahan Materi Genetik. *Jurnal Multidisiplin Ilmu Akademik*, 1(3), 872–879.
<https://doi.org/10.61722/jmia.v1i3.1803>
- 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>
- Menteri Pertanian RI. 2014. *Keputusan Menteri Pertanian Nomor. 1051/Kpts/SR.120/10/2014 tentang Penetapan Rumpun Sapi Pasundan*. Kementerian RI. Jakarta, Indonesia.
- Nei, M. dan S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press. Inc., New York

- Oh, D. yep, Nam, I., Hwang, S., Kong, H., Lee, H., Ha, J., Baik, M., Oh, M. H., Kim, S., Han, K., & Lee, Y. (2018). In vivo evidence on the functional variation within fatty acid synthase gene associated with lipid metabolism in bovine longissimus dorsi muscle tissue. *Genes and Genomics*, 40(3), 289–294.
<https://doi.org/10.1007/s13258-017-0634-4>
- Oztabak, K., Gursel, F. E., Akis, I., Ates, A., Yardibi, H., & Turkay, G. (2014). FASN Gene Polymorphism in Indigenous Cattle Breeds of Turkey. *Folia Biologica*, 62(1), 28–34.
https://doi.org/10.3409/fb62_1.29
- Pećina, M., & Ivanković, A. (2021). Candidate genes and fatty acids in beef meat, a review. *Italian Journal of Animal Science*, 20(1), 1716–1729.
<https://doi.org/10.1080/1828051X.2021.1991240>
- Setiawati, E. N., Saleh, D. M., Suaryadi, M. Y. (2018). Kinerja Reproduksi Sapi Pasundan di Jawa Barat. *Prosiding Seminar Teknologi Dan Agribisnis Peternakan VI, 7 Juli*, 327–334.
- 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>
- Sutikno, Priyanto, R., Sumantri, C., & Jakaria, J. (2020). Polimorfisme g.-371T>A Promotor Gen Miostatin pada Sapi Pedaging Indonesia. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia (JIPI)*, 25(2), 238–243.
<https://doi.org/10.18343/jipi.25.2.238>
- Zalewska, M., Puppel, K., & Sakowski, T. (2021). Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle — A review. *Animal Bioscience*, 34(9), 425–438.
<https://doi.org/10.5713/AB.20.0672>
- Zhang, S., Knight, T. J., Reecy, J. M., & Beitz, D. C. (2008). DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition. *Animal Genetics*, 39(1), 62–70.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01681.x>