

---

## IDENTIFIKASI KERAGAMAN GEN LEPTIN SEBAGAI KANDIDAT GEN KUALITAS DAGING PADA SAPI PASUNDAN BETINA

### *IDENTIFICATION OF LEPTIN GENE DIVERSITY AS A CANDIDATE GENE FOR MEAT QUALITY IN FEMALE PASUNDAN CATTLE*

---

Received : Apr 23<sup>th</sup> 2025

Accepted : Sept 18<sup>th</sup> 2025

Ghina Nurkamilah <sup>1</sup>

Nena Hilmia<sup>2</sup>

Wendry Setiyadi Putranto<sup>3</sup>

---

<sup>1</sup>Program Studi Ilmu Peternakan,  
Fakultas Peternakan,  
Universitas Padjadjaran.

<sup>2</sup>Departemen Produksi Ternak,  
Fakultas Peternakan, Universitas  
Padjadjaran

<sup>3</sup>Departemen Teknologi Hasil  
Ternak, Fakultas Peternakan,  
Universitas Padjadjaran

---

\*Korespondensi:  
Ghina Nurkamilah

Program Studi Ilmu Peternakan,  
Fakultas Peternakan,  
Universitas Padjadjaran.

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

e-mail:  
[ghina21001@mail.unpad.ac.id](mailto:ghina21001@mail.unpad.ac.id)

**Abstract.** *Meat quality is influenced by genetic factors, environmental conditions, and their interactions. Variations in the nucleotide sequence of the leptin gene may affect the quality and quantity of leptin hormone, thereby influencing meat quality. This study aimed to identify the genetic diversity of the leptin gene based on nucleotide sequence mutations in Pasundan cattle raised at the Ciparanje Beef Cattle Teaching Farm, Faculty of Animal Science, Universitas Padjadjaran. This Study used 16 DNA samples from female Pasundan cattle were isolated from blood and analyzed. PCR amplification was performed to amplify a 620 bp fragment of the leptin gene using specific primers designed via the NCBI Primer-BLAST program, with an annealing temperature of 59°C. PCR products were evaluated through electrophoresis, and sequencing was carried out to determine the nucleotide sequence. Sequence analysis and genotyping were conducted using BIOEDIT and MEGA 11 software. The results revealed a Single Nucleotide Polymorphism (SNP) at position g.1047C>T/R25C in the leptin gene, with the CT genotype (56.35%) being more frequent than CC (18.8%) and TT (25%). Additionally, several point mutations in intron 1 were identified, including g.806G>A, g.845C>T, g.856G>A, g.868G>C, g.885C>T, g.911C>T, and g.913A>G, consisting of both transition and transversion mutations. These findings indicate that the leptin gene in Pasundan cattle is polymorphic. Leptin gene polymorphisms in Pasundan cattle are potentially associated with meat quality traits and fat deposition variation, thus providing a genetic basics for selection to improve the quality of local cattle.*

**Keywords :** *Fatty Acid, Leptin, Meat quality, Mutation, Pasundan Cattle,*

---

#### Sitasi :

Nurkamilah, G., Hilmia, N., & Putranto, W. S. (2025). Identifikasi Keragaman Gen Leptin Sebagai Kandidat Gen Kualitas Daging Pada Sapi Pasundan Betina. *Jurnal Teknologi Hasil Peternakan*, 6(2): 124-136

---

## PENDAHULUAN

Indonesia memiliki beragam jenis sapi lokal, yang telah lama beradaptasi dengan kondisi lingkungan setempat. Salah satu sapi lokal yang ada di Indonesia adalah Sapi Pasundan. Sapi ini memiliki potensi besar untuk memenuhi kebutuhan daging Jawa Barat karena kemampuan untuk beradaptasi terhadap kondisi lingkungan dan mampu bertahan dengan kualitas pakan yang rendah. Namun, produktivitasnya perlu ditingkatkan agar dapat bersaing dengan jenis sapi lainnya.

Kualitas daging dipengaruhi oleh berbagai faktor, salah satunya komposisi asam lemak. Asam lemak terdiri dari asam lemak jenuh atau SFA (*Saturated Fatty Acid*), dan asam lemak tidak jenuh atau MUFA (*Monounsaturated Fatty Acid*) dan PUFA (*Polyunsaturated Fatty Acid*), menurut Abe, dkk. (2009). Komposisi asam lemak memainkan peranan penting terhadap kualitas daging antara lain tekstur, keempukan, dan nilai gizi produk. Salah satu faktor yang mempengaruhi komposisi asam lemak adalah faktor genetik, dan gen *leptin* telah diidentifikasi memiliki peran dalam regulasi metabolisme lemak, deposisi lemak intramuskular, serta karakteristik karkas.

Penelitian terdahulu menunjukkan bahwa pada Sapi Jepang dan Sapi Korea, mutasi pada titik g.1047C>T/R25C dan SNP lain telah teridentifikasi pada gen *leptin* dan memiliki korelasi yang signifikan dengan marbling, ketebalan lemak punggung, profil asam lemak, serta persentase lemak karkas (Kawa-

guchi, dkk. 2017). Pada sapi lokal Indonesia, termasuk Sapi Pasundan, mutasi ini juga telah terdeteksi, namun informasi mengenai kaitannya dengan kualitas daging dan komposisi asam lemak masih sangat terbatas.

Penelitian ini memanfaatkan teknologi molekuler, yang akan mengeksplorasi keragaman mutasi gen *leptin* pada Sapi Pasundan khususnya SNP R25C untuk mengidentifikasi varian genetik yang dapat berfungsi sebagai penanda seleksi. Penanda tersebut diharapkan mendukung program pemuliaan terpadu yang mampu menghasilkan daging dengan proporsi asam lemak tidak jenuh (MUFA dan PUFA) lebih tinggi, sehingga meningkatkan nilai gizi, tekstur, dan daya saing Sapi Pasundan di pasar.

## MATERI DAN METODE

### 1. Materi Penelitian

Materi penelitian ini adalah 16 sampel DNA sapi yang diisolasi dari darah masing-masing sebanyak 3 ml. DNA berasal dari 16 ekor Sapi Pasundan Betina umur 1,5-2 tahun yang dipelihara di *Teaching Farm* Sapi Potong Ciparanje Fakultas Peternakan Universitas Padjadjaran.

### 2. Metode Penelitian

Penelitian ini menggunakan metode deskriptif eksploratif yaitu mengeksplorasi mutasi SNP g.1047C>T pada sekuen nukleotida gen *leptin* ekson 2 menggunakan metode sequencing/direct sequencing.

### 3. Ekstraksi DNA

Sampel darah yang telah diisolasi di ekstrak menggunakan kit dari Promega®. Bahan yang digunakan yaitu

*Cell Lysis Solution, Nuclei Lysis Solution, Rnase Solution, Protein Precipitation Solution, Isopropanol, Etanol*, dan *DNA Rehydration Solution*. DNA disimpan di suhu -18°C.

#### 4. Desain Primer

Desain primer dilakukan berdasarkan data pada *Gene Bank* melalui NCBI dengan kode akses *Gene Bank* EU31-3203.1. Adapun primer *Forward* (F) yang telah di desain yaitu 5'CTCA-CTGCTGCGTGGTCTAC'3, sedangkan primer *Reverse* (R) yaitu 5' CCAGAC-CGGAATCCTAGTGC'3. Primer yang di desain pada penelitian ini memiliki spesifikasi pada ekson 2 pada gen *leptin* dan menghasilkan panjang basa 620.

#### 5. Amplifikasi DNA

Desain Komponen yang digunakan untuk amplifikasi DNA yaitu 12,5µl *Green Master Mix*, 9,5 µl *Nucleus Free Water*, 2 µl sampel DNA, serta masing-masing 0,5 µl primer *forward* dan *reverse*. Amplifikasi DNA yang telah diisolasi dimulai dengan *pre-denaturasi* pada suhu 94°C selama 2 menit, dilanjutkan *denaturasi* pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 59°C selama 1 menit, ekstensi pada suhu 72°C selama 1 menit, kemudian ekstensi akhir pada suhu 72°C selama 5 menit. Amplifikasi DNA dilakukan sebanyak 35 kali.

#### 6. Evaluasi Hasil PCR

Hasil Amplifikasi dievaluasi menggunakan elektroforesis agarose Major Science® Mini-300. Bahan yang digunakan untuk elektroforesis yaitu 1,5% gel agarose mengandung Ds'Rad, dan *Loading Dye*. Hasil elektroforesis divi-

sualisasi menggunakan *Gel Documentation System* dari Syngene GBOX®.

#### 7. Sekuensing

Mutasi pada gen leptin ekson 2 dievaluasi menggunakan metode *sekuensing/direct sekuensing*, untuk mengidentifikasi perubahan sekuen nukleotida terhadap sekuen basa C\_CGC. Adapun pengerjaan sekuensing dilakukan oleh *Genetic Science*.

#### 8. Penentuan genotip

Mutasi yang terjadi diidentifikasi dengan pensejajaran/*alignment* nukleotida hasil sekuensing dengan data di GeneBank NCBI. Penentuan genotip dilakukan berdasarkan mutasi pada gen *leptin* posisi SNP g.1047C>T atau R25C menggunakan program BIOEDIT dan MEGA 11 pada ekson 2.

#### 9. Analisis Statistik

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

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

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

Keterangan :

$\chi_i$  = frekuensi alel ke-i

$\chi_{ii}$  = frekuensi genotip

$\eta_{ij}$  = jumlah individu homozigot alel ke-i

$\eta_{ij}$  = jumlah individu heterozigot

N = jumlah individu sampel

### HASIL DAN PEMBAHASAN

#### 1. Tipe Mutasi Gen Leptin Pada Sapi Pasundan

Amplifikasi atau perbanyakan DNA berhasil dilakukan dengan menggunakan primer yang didesain dengan Primer Blast NCBI dengan

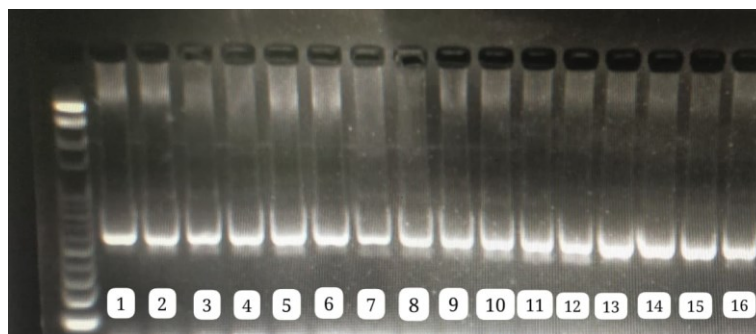
nomor akses *GeneBank* (kode akses NCBI : EU313203.1), menghasilkan Primer *Forward* (F) 5'CTCACTGCTGCGTGGTCTAC'3 dan Primer *Reverse* (R) 5' CCAGACCGGAATCCTAGTGC-'3. Sekuen gen *leptin* yang menjadi target penelitian ini berada pada posisi ekson 2 pada nukleotida g.1047C>T atau yang memiliki nama lain Arg25C. Gen *leptin* yang telah di amplifikasi memiliki panjang 620 bp yang meliputi sebagian intron 1, ekson 2, dan sebagian intron 2. Hasil perbanyakan DNA target atau amplifikasi gen *leptin* menggunakan mesin PCR disajikan pada Gambar 1

Gen terdiri dari rangkaian penyan-di atau disebut dengan ekson, yang dikelilingi oleh rangkaian bukan penyan-di atau disebut dengan intron. Ekson terdiri dari kodon, yang dapat ditranslasi menjadi asam amino penyusun protein. Saat proses translasi menjadi asam amino, intron akan dihi-

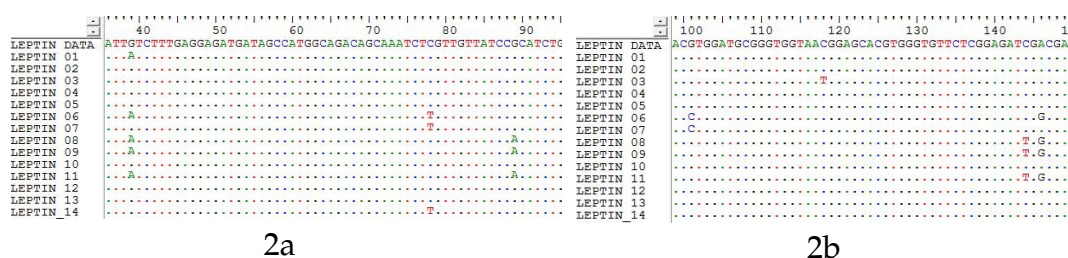
langkan karena tidak dapat mengkode asam amino (Agoes, dkk. 2016).

Produk PCR hasil amplifikasi yang telah di evaluasi dan di visualisasi selanjutnya di sekuensing untuk melihat urutan basa nukleotida pada sampel untuk mengidentifikasi mutasi. Hasil sekuensing di *alignment*/disejajarkan menggunakan Program BIOEDIT dan MEGA 11. Hasil *alignment* disajikan pada Gambar 2 dan 3.

Berdasarkan hasil *alignment* pada Gambar 2, gen *leptin* pada Sapi Pasundan ditemukan mutasi pada intron 1 pada titik g.806G>A, g.845C>T, g.856G>A, g.868G>C, g.885C>T, g.911C>T, dan g.913A>G. Meskipun intron merupakan bagian dari sekuens DNA yang tidak ditranskripsi menjadi protein, berbagai penelitian terbaru telah menunjukkan bahwa intron memiliki fungsi penting, terutama dalam sel eukariot. Salah satu peran intron adalah meningkatkan kelimpahan protein.



Gambar 1. Hasil amplifikasi gen *Leptin* (620 bp) menggunakan primer spesifik. Lajur M: marker DNA 100 bp (GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder); Lajur 1–16: DNA genom Sapi Pasundan (kode sampel 1–16). Terlihat pita DNA berukuran  $\pm 620$  bp sesuai target amplifikasi.



Gambar 2. Mutasi pada Intron gen *leptin* sepanjang 620 bp Sapi Pasundan (2a (Mutasi Intron g.806G>A, g.845C>T, g.856G>A). 2b (g.868G>C, g.885C>T, g.911C>T, g.913A>G).



Gambar 3. Mutasi g.1025T>C dan g.1047C>T di ekson 2 gen *leptin* sepanjang 620 bp Sapi Pasundan

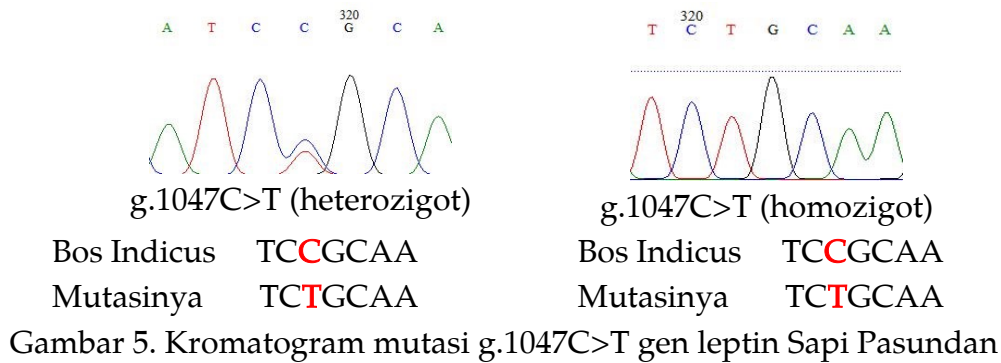
Hal tersebut menunjukkan meskipun region intron tidak terlibat langsung dalam sintesis protein, proses translasi dapat dipengaruhi oleh variasi intron melalui mekanisme yang masih belum sepenuhnya dipahami (Afriani, dkk. 2022). Selanjutnya, SNP pada daerah intron dapat memberikan efek regulasi terhadap ekspresi gen melalui *splicing* (Prihandini, dkk. 2024). Nakaya, dkk. (2007) menambahkan bahwa daerah intron berperan dalam pengaturan ekspresi gen secara transkripsi dan dapat mempengaruhi fenotip meskipun SNP berada di daerah non-koding.

Mutasi pada daerah intron atau promotor ditemukan pada berbagai jenis sapi dengan hasil yang bervariasi. Mutasi pada intron 2 diketahui dapat mempengaruhi produktivitas dan kualitas daging pada sapi pada kajian literatur Putra dan Indriastuti (2017).

Hasil yang berbeda dilaporkan oleh Hussain, dkk. (2017) dimana polimorfisme pada bagian intron 2 tidak berkorelasi dengan bobot dewasa sapi lokal Irak dan Fries Holstein.

Berdasarkan pada Gambar 3, terdeteksi mutasi pada titik. g.1025T>C yang merubah basa nitrogen Timin menjadi Sitosin. Perubahan pada sekuens g.1025 T>C merupakan mutasi *Synonymous (Silent Mutation)* atau tidak merubah pengkodean asam amino. Mutasi pada sekuens g.1047C>T menyebabkan perubahan pengkodean asam amino Arginin menjadi Sistein, sedangkan mutasi pada sekuens g.1048G>A merubah pengkodean asam amino Arginin menjadi Histidin. Kedua mutasi yang ditemukan di ekson 2 gen *leptin* pada Sapi Pasundan ini merupakan mutasi *transisi* yang merubah basa purin ke purin lainnya atau purimidin ke purimidin lainnya.





*Japanese Black* (Kawaguchi, dkk. 2017), Sapi Korea dan Sapi Hanwoo (Kong, dkk. 2006), Sapi Peranakan Ongole Kebumen (Fatoni, dkk. 2019), dan sapi persilangan Simmental x Luxi (Geng, dkk. 2020).

Mutasi yang ditemukan pada penelitian ini memiliki genotip homozigot dan heterozigot yang mana hasilnya dipaparkan seperti Gambar 5. Hasil analisis SNP digunakan untuk menentukan alel dan genotipnya.

Mutasi pada gen dapat disebabkan oleh banyak faktor, antara lain karena kesalahan replikasi materi genetika oleh radiasi selama pembelahan sel, virus, bahan kimia (mutagen), atau juga dapat terjadi selama proses meiosis (Kinanti, dkk. 2024). Mutasi memiliki pengaruh yang berbeda di setiap daerah SNP. Pada daerah pengkodean atau ekson, mutasi dapat memengaruhi penerjemahan protein, sedangkan mutasi yang terjadi di daerah intron akan mempengaruhi proses splicing, serta mutasi pada daerah promotor dapat memengaruhi ekspresi gen (Asaf, dkk., 2014).

## 2. Frekuensi Alel dan Genotip

Frekuensi alel merupakan perbandingan keseluruhan fragmen gen dari

varian gen tertentu (Mansur, dkk. 2016). Frekuensi Alel dan Genotip dihitung berdasarkan rumus Nei (1987). Adapun hasil analisis disajikan berdasarkan Tabel 2.

Berdasarkan data pada Tabel 2., rata-rata dari frekuensi genotip CT pada SNP g.1047C>T (56,3%) lebih tinggi dibandingkan dengan genotip TT (25%) dan CC (18,8%) pada Sapi Pasundan. Hal ini membuktikan bahwa pada Sapi Pasundan, polimorfisme *leptin* pada ekson 2 memiliki tingkat heterozigositas yang lebih tinggi. Nilai heterozigositas sangat penting karena menunjukkan keragaman dalam satu populasi. Nilai heterozigositas yang rendah mengantisipasi adanya perkawinan dalam satu kerabat/*inbreeding* (Kanaka, dkk. 2023). Mutasi yang ditemukan muncul di semua sampel yang diamati disebut dengan monomorfik, sedangkan mutasi yang hanya ditemukan pada beberapa sampel yang diamati, maka sifatnya polimorfik (Nuradha, dkk. 2021; Yustiati, dkk. 2021). Hal ini menunjukkan bahwa gen *leptin* pada Sapi Pasundan yang digunakan dalam penelitian bersifat polimorfik atau memiliki keragaman.

Tabel 2. Frekuensi Alel dan Genotip

| SNP         | Frekuensi Genotip |               | Frekuensi Alel |              |              |
|-------------|-------------------|---------------|----------------|--------------|--------------|
| g. 806 G>A  | 0,313<br>(GG)     | 0,500<br>(GA) | 0,188<br>(AA)  | 0,563<br>(G) | 0,438<br>(A) |
| g. 845 C>T  | 0,813<br>(CC)     | 0,188<br>(CT) | 0,000<br>(TT)  | 0,906<br>(C) | 0,094<br>(T) |
| g. 856 G>A  | 0,313<br>(GG)     | 0,500<br>(GA) | 0,188<br>(AA)  | 0,563<br>(G) | 0,438<br>(A) |
| g. 868 G>A  | 0,813<br>(GG)     | 0,188<br>(GA) | 0,000<br>(AA)  | 0,906<br>(G) | 0,094<br>(A) |
| g. 885 C>T  | 0,938<br>(CC)     | 0,063<br>(CT) | 0,000<br>(TT)  | 0,969<br>(C) | 0,031<br>(T) |
| g. 911 C>T  | 0,313<br>(CC)     | 0,500<br>(CT) | 0,188<br>(TT)  | 0,563<br>(C) | 0,438<br>(T) |
| g. 913 A>G  | 0,313<br>(AA)     | 0,500<br>(AG) | 0,188<br>(GG)  | 0,563<br>(A) | 0,438<br>(G) |
| g. 1025 T>C | 0,313<br>(TT)     | 0,500<br>(TC) | 0,188<br>(CC)  | 0,563<br>(T) | 0,438<br>(C) |
| g. 1047 C>T | 0,188<br>(CC)     | 0,563<br>(CT) | 0,250<br>(TT)  | 0,469<br>(C) | 0,531<br>(T) |
| g. 1048 G>A | 0,813<br>(GG)     | 0,188<br>(GA) | 0,000<br>(AA)  | 0,906<br>(G) | 0,094<br>(A) |

Menurut Nkrumah, dkk. (2004), genotip TT menghasilkan lemak karkas yang lebih baik dibandingkan dengan genotip CC dan CT. Genotip TT menghasilkan produksi daging tanpa lemak dengan produksi karkas lebih rendah. Hasil yang serupa dilaporkan oleh Kononof, dkk, (2017) bahwa pada SNP serupa, genotip TT menghasilkan persentase lemak tubuh dan *yield grade* yang lebih tinggi dibandingkan dengan genotip CC. Buchanan, dkk. (2002) menambahkan bahwa alel T memiliki korelasi dengan peningkatan ekspresi leptin dan deposisi lemak pada jaringan lemak. Hasil yang berbeda ditunjukkan oleh He, dkk. (2020) bahwa

pada British-Continental *crossbred steers*, alel TT menunjukkan komposisi asam lemak jenuh total yang lebih tinggi dibandingkan dengan asam lemak tidak jenuh, yaitu dengan ditunjukkannya asam stearat (asam lemak jenuh) yang lebih tinggi pada bagian lemak subkutan, dan asam lemak linoleat (asam lemak tidak jenuh) yang lebih rendah pada bagian Longissimus Toracil (LT).

Menurut Kong, dkk. (2006), genotip CC pada SNP Arg25Cys memiliki korelasi dengan ketebalan lemak punggung, skor *marbling*, *yield grade*, hasil daging tanpa lemak dan luas otot *longissimus* yang lebih tinggi diban-

dingkan dengan genotip TT. Dzulanov, dkk. (2022) menambahkan bahwa pada sapi Angus heifer, genotip CC pada SNP serupa memiliki korelasi yang signifikan terhadap berat karkas. Pada Sapi Japanese Black, alel C memiliki korelasi dengan komposisi asam lemak tidak jenuh (miristoleat) yang lebih tinggi dan asam lemak jenuh (stearat) yang lebih rendah (Kawaguchi, dkk. 2016). Genotip CC menunjukkan hasil yang lebih unggul pada sapi lokal, yaitu sapi Peranakan Ongole Kebumen yang signifikan berpengaruh

terhadap lingkaran dada sapih (Fatoni, dkk. 2019).

### 3. Analisis Haplotype pada Polymorfisme ekson 2

Analisis keragaman mutasi pada gen *leptin* Sapi Pasundan dilanjutkan dengan analisis haplotype. Haplotype (*genotype haploid*) adalah sekumpulan gen dalam suatu organisme yang diwarisi secara bersamaan dari satu induk. Berdasarkan 3 mutasi pada fragmen exon 2, haplotype dan frekuensinya disajikan pada Tabel 3. dan 4.

Tabel 3. Haplotype berdasarkan 3 SNP ekson pada Sapi Pasundan betina

| Single Nucleotid Polymorphism (SNP) |            |     |     |            |     |     |            |     |     |           |     |
|-------------------------------------|------------|-----|-----|------------|-----|-----|------------|-----|-----|-----------|-----|
| Sapi                                | 1025 (T>C) |     |     | 1047 (C>T) |     |     | 1048 (G>A) |     |     | Haplotype |     |
|                                     | T/T        | T/C | C/C | C/C        | C/T | T/T | G/G        | G/A | A/A |           |     |
| 1                                   |            | T/C |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 2                                   |            | T/C |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 3                                   |            | T/C |     | C/C        |     |     |            | G/A |     | TCG       | CCA |
| 7                                   | T/T        |     |     | C/C        |     |     |            | G/A |     | TCG       | TCA |
| 8                                   | T/T        |     |     | C/C        |     |     |            | G/A |     | TCG       | TCA |
| 9                                   |            | T/C |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 10                                  |            | T/C |     |            |     | T/T | G/G        |     |     | TTG       | CTG |
| 11                                  | T/T        |     |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | TTG |
| 12                                  |            |     | C/C |            |     | T/T | G/G        |     |     | CTG       | CTG |
| 13                                  |            |     | C/C |            |     | T/T | G/G        |     |     | CTG       | CTG |
| 15                                  |            | T/C |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 17                                  |            | T/C |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 18                                  |            |     | C/C |            |     | T/T | G/G        |     |     | CTG       | CTG |
| 20                                  | T/T        |     |     | C/C        |     |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 21                                  |            | T/C |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | CTG |
| 23                                  | T/T        |     |     |            | C/T |     | G/G        |     |     | TCG       | TTG |

Tabel 4. Frekuensi Haplotype berdasarkan 3 SNP ekson pada gen *leptin* Sapi Pasundan betina

| Haplotype | Sampel | Frekuensi (%) |
|-----------|--------|---------------|
| TCG       | 14     | 87,5          |
| TTG       | 3      | 18,75         |
| CTG       | 10     | 62,5          |
| CCA       | 1      | 6,25          |
| TCA       | 2      | 12,5          |

Berdasarkan data pada Tabel 4, Sapi Pasundan memiliki 5 haplotype. Haplotype 1 memiliki persentase tertinggi yaitu (87,5%), haplotype 2 (18,75%), haplotype 3 (62,5%), haplotype 4 (6,25%), dan haplotype 5 (12,5%). Hal ini menunjukkan bahwa haplotype 1 merupakan yang paling dominan pada populasi sampel Sapi Pasundan betina.

## KESIMPULAN

Gen Leptin pada Sapi Pasundan teridentifikasi memiliki mutasi pada SNP g.1025T>C, g.1047 C>T dan g.1048G>A pada ekson 2 serta tujuh mutasi baru pada intron 1, SNP g.806G>A, g.845C>T, g.856G>A, g.868G>A, g.885C>T, g.911C>T dan g.913A>G. Pada mutasi target yaitu SNP g.1047C>T, menunjukkan tiga genotip dengan frekuensi 56,3% (CT), 25% (TT) dan 18,8% (CC). Variasi genotip ini menunjukkan adanya polimorfisme gen leptin pada Sapi Pasundan yang berpotensi berpengaruh terhadap regulasi leptin, terutama pada mekanisme metabolisme energi dan deposisi lemak, yang dapat dikaitkan dengan karakteristik kualitas daging.

## DAFTAR PUSTAKA

- Abe, T., Saburi, J., Hasebe, H., Nakagawa, T., Misumi, S., Nade, T. & 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.
- Afriani, T., Purwati, E., Hellyward, J., Jaswandi, J., Mundana, M., Farhana, A. & Rastosari, A. (2022). Identification of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) in Early Exon 10 of Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR) Gene in Pesisir Cattle. *Jurnal Ilmiah Peternakan Terpadu*, 10(3), 264-276.
- 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), 69-72.

- Asaf, V. M., Amod Kumar, A. K., Abdul Rahim, A. R., Renjith Sebastian, R. S., Vysakh Mohan, V. M., Prashant Dewangan, P. D., & Manjit Panigrahi, M. P. (2014). An overview on single nucleotide polymorphism studies in mastitis research.
- Buchanan FC, Fitzsimmons CJ, Van Kessel AG, Thue TD, WinkeIman\_Sim DC, and Schmutz SM. (2002). Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genet Sel Evol.* 34:105-116. doi:10.1051/gse:2001006.
- Dzulamanov, K. M., Lebedev, S. V., Gerasimov, N., & Kolpakov, V. I. (2022). Effect of leptin C528T and leptin C73T polymorphisms and pregnancy on adipose tissue formation and carcass grade in Aberdeen Angus heifers and first-calf. *Veterinary World*, 15 (7), 1632.
- Fatoni, A., Maharani, D., Aji, R. N., Choiri, R., & Sumadi, S. (2019). Polymorphism of the SNP g. 1180 C>T in leptin gene and its association with growth traits and linear body measurement in Kebumen Ongole Grade cattle. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture.* 44(2), 125-134. <https://doi.org/10.14710/jitaa.44.2.125-134>
- Geng, C., Zhang, M., Yang, L., & Jin, Y. (2020). Correlations between circulating leptin concentrations and growth performance, carcass traits, and meat quality indexes in finishing Simmental× Luxi bulls fed high-concentrate diets. *Animal Science Journal* 91(1), 13426.
- He, M. L., Stanford, K., Dugan, M. E., Marquess, L., & McAllister, T. A. (2020). Association of leptin genotype with growth performance, adipocyte cellularity, meat quality, and fatty acid profile in beef steers fed flaxseed or high-oleate sunflower seed diets with or without triticale dried distiller's grains. *Journal of animal science*, 98(4), 104.
- Hilmia, N., Rahmat, D., & Dudi, D. (2018). Leptin gene polymorphism of Ongole Grade cattle based on single nucleotide polymorphism. *J. Indonesian Trop. Anim. Agric*, 43(4), 309-314.
- Hilmia, N., Rahmat, D., & Dudi, D. (2019). Hubungan Mutasi Pada Gen Leptin Exon 2 Dengan Bobot Lahir, Pertambahan Bobot Badan Dan Bobot Sapi Sapi Bali. *Ziraa'ah Majalah Ilmiah Pertanian*, 44(1), 91-97.

- Hilmia, N., Rahmat, D., & Hadi, D. N. (2019). Single nucleotide polymorphism on exon 2 leptin gene of pasundan cattle. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 334(1).
- Hussain, D. A., Zainab, H. A., & Tabarek, A. A. (2017). Genetic structure analysis of leptin gene/Sau3AI and its relationship with body weight in Iraqi and Holstein-Friesian cows population. *IOSR-JPBS*, 12, 10-13.
- Kanaka, K. K., Sukhija, N., Goli, R. C., Singh, S., Ganguly, I., Dixit, S. P., & Malik, A. A. (2023). On the concepts and measures of diversity in the genomics era. *Current Plant Biology*, 33, 100-278.
- Kawaguchi, F., Okura, K., Oyama, K., Mannen, H., & Sasazaki, S. (2017). Identification of leptin gene polymorphisms associated with carcass traits and fatty acid composition in Japanese Black cattle. *Animal Science Journal*, 88(3), 433-438.
- Kinanti, A. A., Khairani, M., Syahfitri, D. I., Lubis, F. M., & Sinurat, Y. (2024). Literatur Riview: Perubahan Materi Genetik. *Jurnal Multidisiplin Ilmu Akademik*, 1(3), 872-879.
- Kong, H. S., Oh, J. D., Lee, S. G., Hong, Y. S., Song, W. I., Lee, S. J., Kim, H. C., Yoo, B. H., Lee, H. K., & Jeon, G. J. (2006). Association of polymorphisms in the bovine leptin gene with ultrasound measurements for improving in Korean cattle. *Asian-Australian Journal of Animal Sciences*, 19(12), 1691-1695.
- Kononoff, P. J., Defoor, P. J., Engler, M. J., Swingle, R. S., Gleghorn, J. F., James, S. T., & Marquess, F. L. S. (2017). Impacts of a leptin SNP on growth performance and carcass characters in finishing steers studied over time. *Journal of Animal Science*, 95(1), 194-200.
- Mansur, M., Mahmud, A. T. B. A., Dagong, M. I. A., Rahim, L., Bugiwati, R. S. R. A., & Baco, S. (2016). Keragaman genetik sapi Bali di Kabupaten Barru berdasarkan karakteristik fenotipe dan DNA penciri mikrosatelit. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Peternakan*, 4(3), 104-112

- Nakaya, H. I., Amaral, P. P., Louro, R., Lopes, A., Fachel, A. A., Moreira, Y. B., & Verjovski-Almeida, S. (2007). Genome mapping and expression analyses of human intronic noncoding RNAs reveal tissue-specific patterns and enrichment in genes related to regulation of Transcription. *Genome Biology*, 8, 1-25.
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press. New York.
- Nkrumah JD, Li C, Basarab JB, Guercio S, Meng Y, Murdoch B, Hansen C, and Moore SS. (2004). Association of a single nucleotide polymorphism in the bovine leptin gene with feed intake, feed efficiency, growth, feeding behaviour, carcass quality and body composition. *Can J. Anim. Sci.* 84, 211–219.
- Nuradha, I. T., Yustiati, A., Handaka, A. A., & Bangkit, I. (2021). Genetic relationship of four strains of Guppy (*Poecilia reticulata* Peters, 1859) Using RAPD-PCR Method. *Asian Journal of Biochemistry, Genetics and Molecular Biology*, 7(4), 15-24.
- Prihandini, P. W., Sari, A. P. Z. N. L., Tribudi, Y. A., Robba, D. K., & Wibowo, T. B. (2024). Polymorphisms of the Leptin gene in Jabres cattle. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 1341(1),
- Putra, W. P. B., & Indriastuti, R. R. (2017). Gen leptin sebagai gen potensial untuk seleksi molekuler pada sapi di Indonesia. *Wartazoa*, 3, 105-116.
- Yustiati, A., Nuryanti, A., Suryadi, I. B. B., & Mulyani, Y. (2021). Genetic Distance of Four Strains of Guppy Fish (*Poecilia reticulata*) Using RAPD PCR Method. *Asian Journal of Biochemistry, Genetics and Molecular Biology*, 9(4), 1–8.  
<https://doi.org/10.9734/ajbgmb/2021/v10i130228>