

KERAGAMAN GEN *FOLLICLE STIMULATING HORMONE* (FSH|*TasI*) EXON 2 PADA SAPI PESISIR

Diversity of the Follicle Stimulating Hormone (FSH|TasI) Exon 2 Gene in Coastal Cattle

Yurnalis^{1*}, Mangku Mundana¹, Teguh Rafian²

¹Fakultas Peternakan Universitas Andalas

²Jurusan Peternakan Fakultas Pertanian Universitas Lampung

*Corresponding author: yurnalis@ansci.unand.ac.id

ABSTRACT

This research was aimed to determine the diversity of the Follicle Stimulating Hormone (FSH|*TasI*) exon 2 gene in Pesisir cattle. This research was conducted from July 2 to September 21, 2020 at the Livestock Biotechnology Laboratory. Exploratory method was used in this research. A total samples used in study 78 blood samples of Pesisir cattle (13 males and 65 females) that collected at the Center for Superior Livestock Breeding of Forage and Animal Feed (BPTUHPT) Padang Mengatas, Lima Puluh Kota Regency. Blood samples were isolated using the genomic DNA Purification Kit protocol from Promega. The isolated DNA was then amplified using a pair of Forward primers: 5'-TCTCAGTTTTCTACAAGCCTT-3' and reverse 5'-GGGAATCAATGAAGCCTGCC-3' which resulted in an exon 2 FSH gene fragment of 271 bp. The amplification product was restriction using *TasI* enzyme which recognizes the cutting site (AA↓TT). The results show that two kinds of genotypes, namely 44 individuals (8 males and 36 females) with homozygous untruncated genotype (-/-) and 32 individuals (5 males and 27 females) with heterozygous genotype (+/-). Based on the results two types of genotypes were obtained: heterozygous (+/-) of 0.38 and homozygous untruncated (-/-) of 0.62 with allele frequency (+) of 0.19 and allele (-) of 0.81 for bulls and heterozygous (+/-) of 0.43 and homozygous untruncated (-/-) of 0.57 with allele frequency (+) and allele frequency (-) of 0.81 for bulls.

Keywords: FSH Gene, Pesisir Cattle, *TasI* Enzyme

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman Gen Follicle Stimulating Hormone (FSH|*TasI*) exon 2 pada sapi Pesisir. Penelitian ini dilakukan pada bulan 2 Juli sampai 21 September 2020 di Laboratorium Bioteknologi Ternak. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode eksplorasi. Sampel yang digunakan dalam penelitian ini sebanyak 78 sampel darah Sapi Pesisir (13 jantan dan 65 betina) yang diambil di Balai Pembibitan Ternak Unggul Hijauan Pakan Ternak (BPTUHPT) Padang Mengatas, Kabupaten Lima Puluh Kota. Sampel darah diisolasi menggunakan protokol genomic DNA Purification Kit dari Promega. DNA hasil isolasi kemudian di amplifikasi menggunakan sepasang primer Forward: 5'-TCTCAGTTTTCTACAAGCCTT-3' dan Reverse 5'-GGGAATCAATGAAGCCTGCC-3' yang menghasilkan fragmen gen FSH ekson 2 sepanjang 271 bp. Produk amplifikasi direstriksi menggunakan enzim *TasI* yang mengenali situs pemotongan (AA↓TT). Hasil Penggenotipan gen FSH menggunakan enzim *TasI* pada sapi Pesisir ditemukan dua macam genotip yaitu 44 individu (8 jantan dan 36 betina) bergenotip homozigot tidak terpotong (-/-) dan 32 individu (5 jantan dan 27 betina) bergenotip heterozigot (+/-). Berdasarkan dari hasil analisis data, diperoleh dua macam genotip yaitu heterozigot (+/-) sebesar 0,38 dan homozigot tidak terpotong (-/-) sebesar 0,62 dengan frekuensi alel (+) sebesar 0,19 dan alel (-) sebesar 0,81 untuk sapi jantan dan heterozigot (+/-) sebesar 0,43 dan homozigot tidak terpotong (-/-) sebesar 0,57 dengan frekuensi alel (+) sebesar 0,21 dan alel (-) sebesar 0,79 untuk sapi betina. Dari hasil penelitian ini, dapat disimpulkan bahwa gen FSH pada populasi Sapi Pesisir yang diteliti bersifat polimorfik dan berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

Kata kunci: Gen FSH, Sapi Pesisir, Enzim *TasI*

PENDAHULUAN

Sapi Pesisir termasuk jenis sapi yang mempunyai potensi genetik yang baik karena mempunyai daya adaptasi tinggi, baik terhadap pakan yang berkualitas rendah, maupun terhadap perubahan suhu lingkungan (Yurnalis, 2013). Keunggulan tersebut perlu dipertahankan sebagai sumber genetik ternak lokal yang dimiliki Indonesia.

Sapi Pesisir merupakan sapi lokal asli Indonesia yang memiliki ukuran tubuh lebih kecil dibanding sapi lokal lainnya. Sapi lokal di Sumatera Barat dipelihara dan dikembangkan secara turun-temurun oleh sebagian besar peternak di kawasan Pesisir. Jumlah peternak pemelihara Sapi Pesisir di daerah ini mencapai 33 ribu kepala keluarga (Dinas Pertanian Tanaman Pangan dan Hortikultura Pesisir Selatan, 2012).

Seleksi yang terjadi pada Sapi Pesisir adalah seleksi yang berjalan kearah yang negatif yaitu ada kecendrungan sapi yang dipertahankan oleh peternak adalah sapi yang bobot badannya lebih kecil, sedangkan sapi yang berbobot badan lebih besar dijual untuk mendapatkan harga yang lebih tinggi. Hal ini terjadi karena tingginya permintaan terhadap Sapi Pesisir terutama menjelang Hari Raya Idul Adha. Anwar (2004) melaporkan bahwa warna bulu Sapi Pesisir memiliki pola tunggal. Warna bulu dikelompokkan menjadi lima warna utama, yaitu merah bata (34,35%), kuning (25,51%), coklat (19,96%), hitam (10,91%) dan putih (9,26%). Sapi Pesisir memiliki bobot badan lebih kurang 162 kg dengan tinggi badan 99 cm, sedangkan hewan sejenis biasanya berbobot 200 sampai 500 kg, dengan tinggi minimal 140 cm.

Perbaikan genetik berpeluang untuk memacu peningkatan produktivitas dan kenaikan populasi ternak Sapi Pesisir sebagaimana menurut Sudjana (2009) yang menyatakan bahwa peningkatan

produktivitas sapi lokal yang ada di Indonesia dapat dilakukan melalui perbaikan mutu genetik.

Gen Follicle Stimulating Hormon (FSH) merupakan pengatur penting kesuburan pada ternak. FSH adalah hormon glikoprotein yang disekresi oleh kelenjar hipofisa dan berfungsi mengontrol aktivitas reproduksi pada mamalia (Grigorova *et al.*, 2007). FSH memberikan efek stimulasi dengan mengikat reseptor FSH pada sel granulosa di ovarium dan memainkan peran dalam mengatur kesuburan pada ternak dengan nilai ekonomi tinggi. Oleh karena itu, gen FSH bisa menjadi salah satu gen yang diperhitungkan pada ternak sapi (Utomo *et al.*, 2020)

Gen FSH mempunyai 2 heterodimer, yaitu alfa (FSH- α) dan beta (FSH- β). Gen FSH subunit beta berperan dalam menentukan spesifisitas ikatan dengan reseptor (FSHR) (Fan and Hendrickson, 2005). Gen FSHR memainkan peran penting dalam stimulasi ovarium, sehingga bukti fisiologis dapat digunakan untuk memprediksi perbedaan fungsi reseptor FSH dan respon ovarium terhadap FSH. Hormon ini menginduksi dan mempertahankan perkembangan folikel dengan mengikat reseptor spesifik pada permukaan sel granulosa di ovarium. Respon ini mengaktifkan pengkodean gen FSH untuk mengidentifikasi polimorfisme DNA dalam hubungannya dengan genotipe produktif dan reproduktif (Utomo *et al.*, 2020).

Gen FSH subunit beta terletak di kromosom ke-15 dengan 3 ekson dan 2 intron (Kim *et al.*, 1988; Xiao-peng *et al.*, 2010). Gen FSH- β memiliki panjang 3959 pasang basa (pb) dimana ekson 1 memiliki panjang 63 bp, bagian ekson 2 memiliki panjang 165 bp dan ekson 3 memiliki panjang 1523 bp (GenBank: NC_037342.1).

Keragaman genetik merupakan suatu variasi di dalam populasi yang terjadi akibat adanya keragaman diantara

individu yang menjadi anggota populasi (Kusuma *et al.*, 2016). Variasi genetik bertambah ketika keturunan menerima kombinasi unik gen dan kromosom dari induknya melalui rekomendasi gen yang terjadi melalui reproduksi seksual, akibatnya alel diatur ulang secara acak sehingga timbul kombinasi yang berbeda-beda. Identifikasi keragaman gen dapat dilakukan dengan metode RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism).

Becker *et al.* (2000) mengemukakan bahwa analisis pola restriction fragment dihasilkan ketika DNA dipotong oleh enzim polymerase. Contoh enzim polymerase salah satu diantaranya yaitu Enzim *TasI* dengan situs pemotongan AA↓TT.

Liu *et al.* (2009) melaporkan bahwa gen FSH sub-unit beta terdiri dari 3 ekson seperti yang terapat pada babi, sapi dan manusia. Selanjutnya Dai *et al.* (2009) juga melaporkan bahwa keragaman (polimorfisme) gen ini berhubungan dengan fertilitas dan kualitas semen (Charolais, Simmental, dan Limousin) pada ekson 2 dan 3. Yang *et al.* (2010) melakukan penelitian identifikasi keragaman gen FSH dan hubungannya dengan superovulasi pada sapi di China.

Berdasarkan hal tersebut perlunya mengetahui keragaman Gen Follicle Stimulating Hormone (FSH|*TasI*) exon 2 pada sapi Pesisir untuk peningkatan produktivitas dan kenaikan populasi ternak Sapi Pesisir.

MATERI DAN METODE

Materi

Materi yang digunakan dalam penelitian ini adalah 78 sampel darah Sapi Pesisir (13 jantan dan 65 betina) berumur 1-5 tahun. Pengambilan sampel darah Sapi Pesisir dilakukan di Balai Pembibitan Ternak Unggul Hijauan Pakan Ternak (BPTUHPT) Padang Mengatas, Kabupaten Lima Puluh Kota. Adapun alat dan bahan yang digunakan

dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan dari sampel darah menggunakan genomic DNA purification kit dari promega dengan prosedur yang disarankan oleh produser.

Amplifikasi Gen FSH

DNA hasil isolasi, selanjutnya diamplifikasi menggunakan sepasang primer L: 5'-TCTCAGTTTTCTACAAGCCTT-3' dan R: 5'-GGGAATCAA TGAAGCCTGCC-3' Pradenaturasi pada temperatur 94°C selama 5 menit, denaturasi pada temperatur 94°C selama 30 detik, Annealing pada temperatur 58°C selama 30 detik, Extention pada temperatur 72°C selama 30 detik dan Final Extention pada temperatur 72°C selama 10 menit. Amplikasi dilakukan sebanyak 35 siklus yang menghasilkan fragmen ekson 2 dengan panjang 271 bp.

Genotiping Gen (FSH|*TasI*)

Hasil amplikasi gen FSH selanjutnya di genotiping dengan enzim *TasI* dimana 10 µl produk PCR dan 10 µl *TasI* sebanyak 10 µl dimasukkan ke dalam waterbath incubator dengan suhu 65°C selama 3-4 jam.

Untuk melihat hasil restriksi *TasI* dilakukan dengan elektroforesis pada gel agarose 2% dengan pewarna ethidium bromide dan menyertakan DNA ladder (*marker*) yang kemudian dijalankan di mesin elektroforesis dengan tegangan 100 volt selama 2 jam. Hasil eletroforesis dengan UV trans iluminator akan diperoleh gambaran pita pemotongan dengan 3 kemungkinan genotip:

- Homozigot tidak terpotong (-/-), jika hanya satu pita berukuran sepanjang fragmen amplifikasi (271 bp).
- Homozigot terpotong (+/+), jika dua atau lebih pita diluar posisi dibawah ukuran fragmen amplifikasi (271 bp)

- c. Heterozigot (+/-), jika dua atau lebih pita dengan satu pita pada posisi/ukuran fragmen teramplifikasi dan pita lain berada dibawah posisi fragmen amplifikasi.

Analisis Data

Hasil data genotipe dan alel yang diperoleh dianalisis dalam bentuk:

1. Frekuensi Genotip

Frekuensi genotip dihitung menggunakan rumus (Nei dan Kumar, 2000).

$$X_i = (\sum n_i) / N$$

Keterangan:

X_i = Genotip yang diamati
 n_i = Jumlah individu bergenotip i
 N = Jumlah sampel yang diamati

2. Frekuensi alel

Frekuensi alel dihitung menggunakan rumus (Nei dan Kumar, 2000)

$$X_i = (2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij}) / 2N$$

Keterangan:

X_i = Frekuensi alel ke- i
 n_{ii} = Jumlah sampel yang bergenotip ii (homozigot)
 n_{ij} = Jumlah sampel yang bergenotip ij (heterozigot)
 N = Jumlah sampel yang diamati

3. Keseimbangan Hardy-Weinberg

Pengujian keseimbangan Hukum Hardy-Weinberg dilakukan untuk mengetahui apakah frekuensi alel dan frekuensi genotype enzim restriksi Gen

FSH pada populasi sapi yang dipelihara masih berada pada keseimbangan $p^2 + 2pq + q^2 = 1$ yang diuji dengan chi-square (χ^2) dengan menggunakan rumus Hartl (1988) sebagai berikut:

$$\chi^2 = \sum ((O-E)/E) \approx \chi^2_{(t)} 0,05$$

$$\chi^2 = \sum ((O-E)/E) \approx \chi^2_{(t)} 0,01$$

Keterangan:

χ^2 = chi-square

O = Jumlah pengamatan genotip/alel ke- i

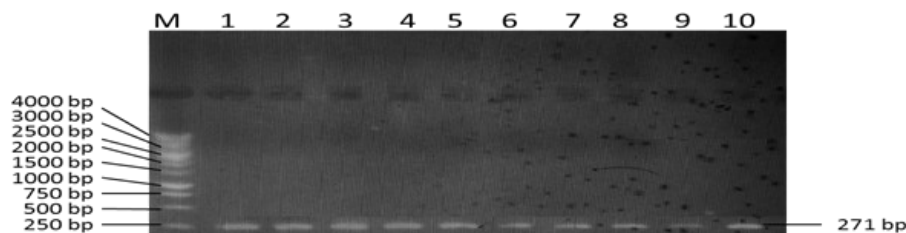
E = Jumlah harapan genotip/alel ke- i

Jika $\chi^2_{obs} < \chi^2_{t}$, maka dikatakan bahwa frekuensi genotip atau frekuensi alel pada populasi ternak yang diamati berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg. Sedangkan jika nilai $\chi^2_{obs} > \chi^2_{t}$, maka dikatakan bahwa frekuensi genotip atau alel populasi ternak yang diamati tidak berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi Gen FSH

Gen FSHB terletak di kromosom ke-15 dengan 3 ekson dan 2 intron (Kim et al., 1988; Xiao-peng *et al.*, 2010). Produk amplifikasi yang diperoleh memiliki panjang 271 bp. Hasil elektroforesis produk PCR dengan menggunakan agarose 1,5% yang divisualisasi dengan UV trans iluminator disajikan pada Gambar 1 berikut:



Gambar 1. Hasil elektroforesis Amplifikasi Gen FSH Pada Sapi Pesisir (Keterangan: M= DNA ladder, 1-10= No.Sampel produk PCR)

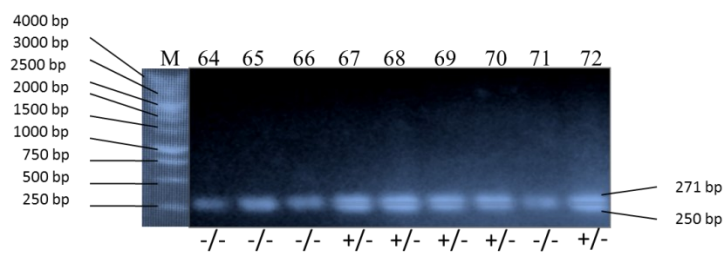
Pada penelitian ini, Gen FSH berhasil teramplifikasi pada semua sampel darah Sapi Pesisir dengan panjang basa 271 bp.

Genotyping Gen (FSH|*TasI*)

Hasil pemotongan produk gen FSH exon 2 Sapi Pesisir menggunakan enzim *TasI* yang dielektroforesis dalam agarose 2% dan divisualisasikan dengan UV trans iluminator disajikan pada Gambar 2 berikut:

Hasil restriksi dengan enzyme *TasI* terdapat 2 pola pita yang dihasilkan yaitu

homozigot tidak terpotong (-/-) yaitu hanya ada satu pita berukuran sepanjang fragmen amplifikasi (271 bp) dan heterozigot (+/-) atau terdapat pita yang sama panjangnya dengan fragmen amplifikasi dan 2 pita lain berada dibawah posisi fragmen amplifikasi dengan panjang s50 dan 21 bp pita 21 bp tidak terlihat). Dari seluruh sampel, 44 individu (8 jantan dan 36 betina) bersifat homozigot tidak terpotong (-/-) dan 32 individu (5 jantan dan 27 betina) bersifat heterozigot (+/-).



Gambar 2. Hasil Restriksi Gen FSH|*TasI* (Keterangan: M= DNA laddder, 64,65,66,71= No. individu homozigot tidak terpotong, 67,68,6970,72=No.individu heterozigot)

Frekuensi Genotip dan Frekuensi Alel (FSH|*TasI*)

Suatu gen dikatakan polimorfik apabila salah satu alelnya mempunyai frekuensi kurang dari 0,99 atau 99%. Frekuensi genotip dan frekuensi alel gen FSH|*TasI* pada Sapi Pesisir dapat dilihat berdasarkan hasil situs pemotongan

enzim *TasI* dari elektroforesis menggunakan agarose 2% dengan ethidium bromide yang divisualisasikan menggunakan UV trans iluminator.

Hasil perhitungan frekuensi genotip dan frekuensi alel gen FSH|*TasI* pada Sapi Pesisir disajikan pada Tabel 1 berikut.

Tabel 1. Frekuensi genotip dan alel Gen FSH|*TasI* pada Sapi Pesisir

Jenis Kelamin	Macam Genotip	Jumlah Individu	Frekuensi Genotip	Jumlah Alel		Frekuensi Alel	
				+	-	+	-
Jantan	(+/+)	0	0,00	0	0	0,19	0,81
	(+/-)	5	0,38	5	5		
	(-/-)	8	0,62	0	16		
	Total	13	1,00	5	21		
Betina	(+/+)	0	0,00	0	0	0,21	0,79
	(+/-)	27	0,43	27	27		
	(-/-)	36	0,57	0	72		
	Total	63	1,00	27	99		

Keterangan:

(+/+)= individu genotip homozigot terpotong,

(+/-)= individu genotip heterozigot,

(-/-)= individu genotip homozigot tidak terpotong.

Berdasarkan Tabel 1 diatas, dapat dijelaskan bahwa macam genotip dari Sapi Pesisir diperoleh dua macam genotip yaitu heterozigot (+/-) sebesar 0,38 dan homozigot tidak terpotong (-/-) sebesar 0,62 dengan frekuensi alel (+) sebesar 0,19 dan alel (-) sebesar 0,81 untuk sapi jantan dan heterozigot (+/-) sebesar 0,43 dan homozigot tidak terpotong (-/-) sebesar 0,57 dengan frekuensi alel (+) sebesar 0,21 dan alel (-) sebesar 0,79 untuk sapi betina. Berdasarkan hasil analisa tersebut, frekuensi alel gen FSH|TasI Sapi Pesisir pada penelitian ini menunjukkan bahwa fragmen gen dapat dikatakan bersifat polimorfik (beragam). Hal ini sesuai dengan pendapat Falconer dan Mackay (1996) yang menyatakan bahwa suatu alel dinyatakan polimorfik jika memiliki frekuensi alel sama dengan atau kurang dari 0,99.

Perbedaan frekuensi gen dan alel yang terjadi dipengaruhi oleh beberapa faktor yaitu seleksi, mutasi gen, pencampuran dua populasi yang frekuensi gen berbeda, silang dalam, silang luar dan genetic drift (Yuniarsih *et al.*, 2011)

Uji Keseimbangan Hardy-Weinberg

Untuk mengetahui apakah hasil yang diperoleh pada penelitian ini menyimpang atau tidak dari Hukum Keseimbangan Hardy-Weinberg, maka dapat dianalisis menggunakan tabel chi-square. Uji chi-square terhadap Keseimbangan Hardy-Weinberg dapat dilakukan apabila memenuhi syarat jika sebaran genotip $p^2+2pq+q^2=1$.

Berikut merupakan hasil pengamatan keseimbangan Hardy-Weinberg pada populasi Sapi Pesisir yang disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Uji Chi-square terhadap keseimbangan Hardy-Weinberg FSH|TasI pada Sapi Pesisir

Jenis Kelamin	Keseimbangan HW	Macam dan Frekuensi Genotip			Total	X ² _h	X ² _{t(0,05)}	X ² _{t(0,01)}
		(+/+)	(+/-)	(-/-)				
Jantan	Observasi (O)	0	5	8	13			
	Harapan (E)	0,47	4	8,53	13	0,75	3,84	6,63
	$(O-E)^2/E$	0,47	0,25	0,03	0,75			
Betina	Observasi (O)	0	28	35	63			
	Harapan (E)	2,78	20,9	39,32	63	4,84	3,84	6,63
	$(O-E)^2/E$	2,78	1,78	0,28	5,84			

Keterangan: $X^2_{t(0,05)} = 3,84$, $X^2_h < X^2_{t(0,05)}$ = tidak berbeda nyata, $X^2_h > X^2_{t(0,05)}$ = berbeda nyata, $X^2_{t(0,01)} = 6,63$ $X^2_h < X^2_{t(0,01)}$ = tidak berbeda nyata

Hasil yang diperoleh dari uji chi-square terhadap keseimbangan Hardy-Weinberg FSH|TasI pada populasi Sapi Pesisir jantan diperoleh $X^2_h < X^2_{t(0,05)}$ atau tidak terdapat perbedaan yang nyata pada frekuensi alel hasil pengamatan dan frekuensi genotip, sehingga dapat disimpulkan bahwa frekuensi genotip dan frekuensi alel gen FSH (FSH|TasI) exon 2 populasi Sapi Pesisir jantan pada penelitian ini berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg sedangkan yang betina tidak berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg hal ini karena sapi sudah mengalami seleksi.

Adapun faktor-faktor yang dapat mengubah frekuensi gen dalam suatu populasi adalah adanya seleksi, mutasi, migrasi, dan random drift (Warwick *et al.*, 1994).

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, dapat dikemukakan kesimpulan ditemukan dua tipe genotip pada pemotongan gen FSH|TasI exon 2 pada Sapi Pesisir yaitu homozigot tidak terpotong (-/-) dan heterozigot (+/-). Sebaran genotip gen FSH|TasI exon 2

pada populasi Sapi Pesisir bersifat polimorfik (beragam) dan berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

DAFTAR PUSTAKA

- Anwar, S. 2004. Keragaman Karakter Eksternal dan DNA Mikrosatelit Sapi Pesisir Sumatera Barat. Disertasi. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor.
- Becker, W. M., L. Kleinsmith, J. Hardin. 2000. *World of the Cell*. Ed 4th. The Benjamin Publishing Company.
- Dai, L., Z. Zhao, R. Zhao, S. Xiao, H. Jiang, X. Yue, J. Zhang. 2009. Effects of novel single nucleotide polymorphism of the FSH beta sub unit gene on semen quality and fertility in bulls. *Anim Reprod Sci*. 114: 14-22.
- Falconer, D. S., T. F. C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, Fourth Edition. Longman, Malaysia.
- Fan, Q. R., W. A. Hendrickson. 2005. Structure of human follicle stimulating hormone incomplex with its receptor. *Nature* 433:269–277.
- Hartl, D. L., A. G. Clark. 1988. *Principle of Population Genetic* Sinaver Associates, Sunderland, MA.
- Kim, K. E., D. F. Gordon, R. A. Maurer. 1998. Nucleotide sequence of the bovine gene for follicle-stimulating hormone beta-subunit. *DNA* 7(4): 227-233.
- Kusuma, R., N. Sa'diyah, Y. Nurmiaty. 2016. Keragaman fenotipe dan heritabilitas kedelai (*Glycine max* [L.] Merrill) generasi F5 hasil persilangan Wilis x B3570. *Jurnal Penelitian Pertanian Terapan*.15 (3): 200-207.
- Liu, J.J., X.Q. Ran, S. Li, Y. Feng, J. F. Wang. 2009. Polimorphism in the first intron of follicle stimulating hormone beta gene in three Chinese pig breeds and two European pig breeds. *J. Anim Rep Sci*. 111: 369-375.
- Nei, M., S. Kumar. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Sudjana, T. 2009. Peranan Teknologi Dalam Percepatan Peningkatan Populasi Sapi. *Prosiding Seminar Nasional Percepatan Peningkatan Populasi Sapi di Indonesia*. Bogor (Indonesia): CENTRAS.
- Utomo, B., E. D. Putranto and A. Fadholly. 2020. Profile of follicle-stimulating hormone and polymorphism of follicle-stimulating hormone receptor in Madrasin cattle with ovarian hypofunction, *Veterinary World*, 13(5): 879-883. Doi:
- Warwick, E. J., J. M. Astuti, W. Hardjosubroto. 1994. *Pemuliaan Ternak*. Edisi V. Gadjah Mada University Press, Yogyakarta. Hal 45-97.
- Xiaopeng, A. N., H. Dan, H. Jin-Xin, L. Guang, W. Ya-Na, L. Ling, C.Y. Bin Yun. 2010. Polymorphism of exon 2 of β gene and its relationship with reproduction performance in two goat breeds. *Agric. Sci.China*. 6:889-886.
- Yuniarsih, P., Jakaria, Muladno. 2011. Eksplorasi gen growth hormone exon 3 pada kambing peranakan etawah (PE), Saanen dan Pesa melalui teknik PCR-SSCP. *Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner*, Bogor.
- Yurnalis. 2013. Polimorfisme gen hormon pertumbuhan pada sapi pesisir sumatera barat. Disertasi.

Program Pasca Sarjana Universitas
Andalas, Padang.