

**PEMANFAATAN MARKER MOLEKULER  
UNTUK STUDI KERAGAMAN GENETIK  
DALAM RANGKA Mendukung  
PROGRAM PEMULIAAN TERNAK**



**Pidato Pengukuhan Jabatan Guru Besar  
dalam Bidang Pemuliaan Ternak  
pada Fakultas Peternakan  
Universitas Gadjah Mada**

**Disampaikan pada Pengukuhan Guru Besar  
Universitas Gadjah Mada  
Tanggal 14 Juli 2022**

**Oleh:  
Prof. Ir. Tety Hartatik, S.Pt., Ph.D., IPM**



*Assalamualaikum Warrahmatullahi Wabarakaatuh*

Selamat pagi, salam sehat dan sejahtera untuk kita semua.

Yang saya hormati,

Ketua, Sekretaris, dan Anggota Majelis Wali Amanat.

Rektor dan Para Wakil Rektor.

Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Akademik.

Ketua, Sekretaris, dan Anggota Dewan Guru Besar.

Dekan dan Para Wakil Dekan.

Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Fakultas.

Direktur dan Kepala Pusat Studi di lingkungan Universitas Gadjah Mada.

Seluruh undangan, dosen, teman sejawat, tenaga kependidikan, para mahasiswa, dan hadirin yang berbahagia, baik yang hadir di Balai Senat maupun yang mengikuti secara daring di mana pun berada.

Pertama-tama, mari kita panjatkan puji syukur kehadirat Allah SWT yang telah melimpahkan rahmat serta karunia-Nya sehingga pada pagi hari ini kita dapat berkumpul di tempat yang terhormat ini, yaitu Balai Senat Universitas Gadjah Mada. Terima kasih saya ucapkan kepada Dewan Guru Besar, Senat Akademik, dan Pimpinan Universitas serta pimpinan fakultas yang telah memberi kesempatan kepada saya untuk menyampaikan Pidato Pengukuhan Guru Besar pada bidang Pemuliaan Ternak Fakultas Peternakan Universitas Gadjah Mada. Dengan rasa syukur dan berbahagia, pada kesempatan yang terhormat ini, perkenankan saya menyampaikan Pidato Pengukuhan dengan judul,

**“Pemanfaatan Marker Molekuler untuk Studi Keragaman Genetik dalam Rangka Mendukung Program Pemuliaan Ternak”**

**Pendahuluan**

Hadirin yang saya hormati,

Pemilihan tema pidato pengukuhan ini berkaitan dengan bidang ilmu yang saya tekuni sejak semasa masuk ke Fakultas Peternakan Universitas Gadjah

Mada dan topik-topik yang relevan dengan hasil-hasil penelitian yang saya lakukan bersama tim selama 28 tahun dalam kegiatan penelitian di bidang genetika, pemuliaan, dan perkembangannya. Ketertarikan saya dalam bidang genetika dan pemuliaan ternak bermula saat penelitian tugas akhir mahasiswa program sarjana tahun 1993 dengan mempelajari persilangan ayam Legund dengan ayam Normal sehingga didapatkan tiga kombinasi keturunan, yaitu Legund/Legund, Legund/Normal, dan Normal/Normal. Sifat fenotipik yang tampak dari luar tersebut mencerminkan susunan genetisnya dan memiliki pengaruh terhadap performa pertumbuhan, kemampuan adaptasi terhadap lingkungan dan dalam pemanfaatan pakan (Hartatik, 1994). Selanjutnya, sebagai asisten peneliti di Laboratorium Rekayasa Genetika PAU Bioteknologi UGM pada 1994 sampai dengan 1997 memberikan pengalaman bagi saya untuk membuat konstruksi DNA Rekombinan untuk membuat kloning gen *dapD* yang mengode *N-succynil diaminopimelate aminotransferase* (Sudjadi *et al.*, 1996).

Kloning gen *dapD* ini dipersiapkan untuk membuat ayam transgenik, karena pada jenis unggas tidak ditemukan gen tersebut sehingga tidak dapat menyintesis lisin secara natural. Selanjutnya, pengalaman sebagai *research student* pada akhir tahun 1997 dan sebagai mahasiswa program doktor tahun 1998–2002 di Department of Developmental Genetics, Graduate School of Medicine, Japan telah menempe saya dalam mempelajari fungsi gen dengan berbagai macam metode, baik secara *in vitro* maupun secara *in vivo*, baik pada tingkat sel (membuat konstruksi DNA rekombinan untuk transgenik dan *knock-out/gene targeting*, elektroporasi gen asing, proliferasi sel, dan ekspresi gen) maupun pada hewan coba (*in vitro fertilisation*, elektroporasi target gen, *pro-nuclei microinjection DNA*, transfer embrio dan studi perkembangan hewan transgenik dan *knock-out*).

Perubahan/perbedaan sekuen DNA pada daerah *zinc finger* gen BAZF dan gen BCL6 yang merupakan sekuen penting untuk interaksi antargen (antar-DNA) dapat berpengaruh terhadap kekuatan interaksi dengan STAT6 (Hartatik *et al.*, 2001) sehingga akan berdampak pada ekspresi gen yang diaturnya. Pembuktian fungsi gen BAZF dipelajari dengan membuat tikus transgenik (Lck-BAZF) dan tikus *knock-out*

(BAZF-deficient; Takamori *et al.*, 2004). Latar belakang keilmuan dalam bidang genetika molekuler yang saya peroleh selama studi ini dapat diterapkan untuk pengembangan bidang pemuliaan ternak.

Pidato hari ini saya mohon izin untuk menyampaikan secara singkat tentang perkembangan Pemuliaan Ternak yang mulai dari proses domestikasi dan pemanfaatan marker molekuler yang mengkaji keragaman genetik pada ternak serta pengaruhnya terhadap peningkatan mutu genetik ternak.

## **Domestikasi Hewan/Ternak**

Hadirin yang terhormat,

Domestikasi atau penjinakan hewan tidak diketahui kapan mulai terjadi, diperkirakan terjadi pada akhir zaman Palaeolitikum dan awal zaman Neolitikum antara 12.000–10.000 tahun SM. Domestikasi sebagian besar terjadi di belahan bumi utara di Asia Tengah dan Asia Barat Daya. Proses domestikasi ini diduga berasal dari aktivitas para pemburu hewan. Pemburu membawa hewan tangkapan, mengurungnya dan memulai mempelajari bagaimana memelihara hewan tersebut melalui proses penjinakan. Domestikasi memerlukan puluhan generasi untuk mendapatkan galur-galur yang benar-benar adaptif dengan lingkungan buatan manusia.

Anjing (*Canis lupus familiaris*) merupakan hewan yang pertama kali didomestikasi dari moyang liarnya, yaitu Serigala (*Canis lupus lupus*) di Asia Timur pada kurun waktu sebelum 10.000 SM. Selanjutnya, domestikasi pada hewan ternak diperkirakan terjadi di Asia Barat Daya, yaitu domba (*Ovis orientalis aries*) dan kambing (*Capra aegagrus hircus*) pada 10.500 tahun yang lalu (Alberto *et al.*, 2018), serta Babi (*Sus scrofa domestica*) berasal dari babi hutan.

Ternak hasil domestikasi dan ternak modern telah mengalami perubahan akibat proses penjinakan serta seleksi. Domestikasi sapi (*Bos primigenius taurus*) berasal dari sapi liar (*Bos primigenius*) terjadi pada 6.500 SM, domestikasi ayam (*Gallus gallus domesticus*) berasal dari ayam hutan (*Gallus gallus* dan *G. varius*) terjadi pada 6.000 SM, kuda (*Equus ferus caballus*) didomestikasi sekitar 5.500 tahun lalu

(Outram *et al.*, 2009; Librado *et al.*, 2016; Gaunitz *et al.*, 2018) untuk membantu pertanian, alat perang, dan transportasi, kerbau (*Bubalus bubalis*) terjadi sekitar 3.000–7.000 SM (Humberto *et al.*, 2020), dan sapi bali (*Bos javanicus*) terjadi pada 2.500 SM. Domestikasi sapi bali berasal dari banteng liar (yang saat ini sudah terancam punah), memiliki kesuburan tinggi dan berkembang biak dengan pakan berkualitas rendah (Zhang *et al.*, 2020). Peristiwa domestikasi tersebut mengakibatkan terjadinya perubahan lingkungan yang diusahakan oleh manusia (*artificial environment*) terhadap lingkungan alami (*natural environment*).

Proses domestikasi dimulai dari mengatur pemeliharaan hewan, memilih hewan yang dianggap baik (unggul) untuk menghasilkan keturunan dan dikembangkan untuk memenuhi kebutuhan hidupnya. Proses pemilihan ini mengakibatkan terjadinya *inbreeding* dan *outbreeding*. *Inbreeding* terjadi karena hewan hidup pada lingkungan yang terbatas, sehingga akan berkerabat dekat selama proses bereproduksi. Peningkatan *outbreeding* terjadi akibat migrasi, manusia membawa hewan peliharaannya dan terjadi perkawinan ternak di daerah lain.

*Inbreeding* dan *outbreeding* dapat menghasilkan perbedaan individu dalam satu bangsa dan bangsa ternak yang baru. Perkawinan antarspesies yang berbeda (*terminal crossing*) menawarkan alternatif cepat menghasilkan keturunan dengan menggabungkan alel yang menguntungkan dari kedua tetuanya. Sifat heterosis atau *hybrid vigor* merupakan sifat positif karena menghasilkan performan yang melebihi rata-rata performan kedua tetuanya, pertumbuhan lebih cepat, ukuran lebih besar, memiliki ketahanan penyakit yang baik dan produktif. Sebagai contoh Yakow merupakan hibrida *F1* dari sapi yak dan taurin atau zebu yang dikembangkan di Tibet dan Mongolia (Wiener *et al.*, 2006 cit Zhang *et al.*, 2020). Contoh lain *terminal crossing* adalah selembu yang merupakan hasil perkawinan pejantan gaur dan sapi *taurindicine*, dikembangkan sejak 1980 di Malaysia (Ismail *et al.*, 2018). Selembu ini digunakan untuk produksi susu dan daging.

Hewan ternak merupakan bagian yang penting dalam kehidupan manusia dan bermanfaat dalam beberapa hal. Ternak digunakan

sebagai penghasil daging, susu, dan telur, yang menjadi makanan untuk dikonsumsi dan produk hewani lainnya, seperti kulit dan wol sebagai bahan pakaian, sepatu, tas, dan sebagainya. Sebelum adanya mekanisasi pertanian, ternak besar seperti sapi dan kuda merupakan pemasok tenaga kerja untuk transportasi, membajak, dan berkuda (Zhang *et al.*, 2020). Selain itu, hasil peternakan berupa bulu, lemak, tulang, tanduk, kuku, dan usus juga dapat digunakan untuk berbagai keperluan. Kotoran hewan dapat digunakan sebagai sumber pupuk sehingga mengembalikan sebagian mineral dan bahan organik yang dikonsumsi hewan ternak ke sistem serta membantu menumbuhkan kembali makanannya sendiri. Hewan ternak juga dapat digunakan dalam kegiatan rekreasi, misalnya karapan sapi dan kontes sapi sonok di Madura (Widi dan Hartatik, 2009). Ternak juga dapat dipelihara untuk tujuan pengobatan, misalnya menghasilkan vaksin dan antiserum (yang mengandung antibodi). Melihat banyaknya manfaat dari hewan ternak ini, maka sangat wajar apabila berbagai upaya untuk meningkatkan mutu genetik melalui pemuliaan ternak, baik secara konvensional maupun secara modern, terus mendapatkan perhatian dan terus berkembang mengikuti kemajuan teknologi.

## **Pemuliaan Ternak**

Hadirin yang terhormat,

Salah satu orientasi dalam penerapan pemuliaan ternak (*animal breeding*) adalah memilih ternak untuk dipergunakan sebagai tetua (sumber bibit untuk dikembangkan). Kegiatan pemuliaan ini pada zaman dahulu dilakukan berdasarkan intuisi maupun kesenangan dengan cara mengawinkan ternak yang baik dengan yang baik pula. Mereka memiliki kepercayaan bahwa keserupaan sifat yang dimiliki akan diturunkan. Ternak dinilai baik berdasarkan kesenangan akan bentuk dan ukuran semata. Keadaan ini menyebabkan kemajuan yang dicapai sangat lambat.

Awal mula pemuliaan ternak terjadi pada tahun 1760 di Inggris saat Robert Bakewell (1725–1795) memelihara kuda shire, domba leicester, dan sapi longhorn dengan memulai membuat catatan-catatan

untuk ternaknya, melakukan *inbreeding*, dan menyewakan pejantan-pejantan yang baik kepada peternak lain. Bakewell telah mulai dengan semacam *progeny test* yang saat itu belum dikenal dan belum ada pengetahuan tentang ilmu genetika. Banyak peternak-peternak mengikuti jejak Bakewell dengan cara beternak yang **maju**.

**Pada** awal abad 19 di Inggris, Eropa, dan Amerika telah berkembang peternakan maju, menernakkan bangsa murni dan membentuk perkumpulan untuk pencatatan bangsa murni. Selanjutnya, Jay L. Lush (1896–1982) telah menerapkan pemuliaan ternak modern dengan mengombinasikan sifat kuantitatif dan informasi genetik (Van der Waaij, 2014).

**Dalam** perkembangannya saat ini, ilmu pemuliaan ternak adalah ilmu yang mempelajari usaha untuk meningkatkan rata-rata nilai sifat tertentu dalam populasi dengan jalan perbaikan mutu genetik individu-individu dalam populasi melalui seleksi dan sistem perkawinan. Peningkatan nilai rata-rata sifat dapat juga dilakukan dengan cara perbaikan pakan dan pengelolaannya. Namun, efek perbaikan pakan dan pengelolaan hanya bersifat sementara serta dapat berubah setiap saat. Hal ini berbeda dengan perbaikan mutu genetik yang bersifat baka dan dapat diwariskan.

Pemuliaan ternak di Indonesia dimulai pada masa penjajahan Belanda, yaitu didatangkannya bangsa-bangsa ternak dari negara lain, seperti sapi ongole dan kambing jamnapari (kambing etawa) dari India dan sapi perah dari Belanda. Sapi ongole didatangkan dengan tujuan memperbaiki sapi asli sebagai tenaga tarik dan pengangkut beban. Sapi ini pertama kali ditempatkan di Pulau Sumba. Hasil persilangannya dengan sapi asli menghasilkan sapi sumba ongole, yang kemudian disebarkan ke Jawa untuk disilangkan dengan sapi jawa sehingga dihasilkan sapi peranakan ongole (PO). Kambing etawa dan sapi friesland holstein juga dipergunakan untuk disilangkan dengan ternak asli sehingga terbentuklah kambing peranakan etawa dan sapi peranakan friesland **holstein**.

**Usaha** perbaikan mutu genetik dengan persilangan sangat menonjol sekali pada sapi potong. Berbagai bangsa sapi potong telah didatangkan dan dicoba untuk disilangkan dengan sapi lokal di antaranya adalah sapi brahman, hereford, shorthorn, simmental, limousin, santa



gertudis, sahiwal, angus, wagyu, belgian blue, dan galacian blounde. Dari berbagai persilangan sapi potong tersebut yang saat ini masih ada dan dikembangkan adalah sapi persilangan dengan brahman, simental, limousin, wagyu, belgian blue, dan galacian blounde. Tidak berkembangnya atau kegagalan usaha persilangan dari segi genetik mungkin diakibatkan oleh kurang mantapnya persiapan pada tahap analisis genetik, juga dari segi non-genetik (pengelolaan).

Usaha pemuliaan ternak untuk perbaikan mutu genetik sapi bali terus dilakukan tanpa persilangan. Hal ini merupakan usaha untuk pelestarian sumber genetik ternak asli, yaitu dengan didirikannya Proyek Pengembangan dan Pembibitan Sapi Bali (P3Bali) sejak 1976 (Hakim *et al.*, 2008), yang sekarang dikenal dengan nama Balai Pembibitan Ternak Unggul Hijauan Pakan Ternak (BPTU-HPT Denpasar) yang melakukan seleksi untuk mendapatkan bibit sapi bali.

Dalam menangani usaha pemuliaan ternak di Indonesia, hal yang masih lemah dalam implementasinya adalah analisis genetik. Untuk dapat melaksanakan hal tersebut diperlukan data yang berasal dari pengamatan dan pencatatan (*recording*) terhadap sifat-sifat produksi dan reproduksi ternak asli. Usaha perbaikan mutu genetik dengan persilangan tanpa didasari hasil analisis genetik serta perencanaan yang baik, sangat diragukan keberhasilannya. Apalagi jika hal (persilangan) tersebut dilakukan terhadap kekayaan sumber genetik ternak asli.

## **Keragaman Fenotipik dan Genetik**

Hadirin yang saya muliakan,

Hewan-hewan liar maupun ternak yang telah melalui proses pemuliaan dapat menunjukkan perbedaan-perbedaan fenotipik berdasarkan pengamatan sifat-sifat yang tampak dan dapat diukur. Keragaman fenotipik sangat penting di dalam pemuliaan ternak karena keragaman merupakan bahan mentah (*raw materials*) bagi pemulia ternak untuk memulai usahanya. Apabila tidak terdapat keragaman antara individu-individu maka seleksi maupun penyisihan (*culling*) tidak perlu dilakukan karena semua individu menampakkan performa yang sama.

Sasaran utama pemuliaan ternak adalah memperbaiki sifat-sifat produksi yang mempunyai nilai ekonomi penting. Sifat-sifat ini termasuk sifat kuantitatif dengan ciri-ciri pewarisannya dikontrol oleh banyak gen (*polygenic inheritance*), sangat dipengaruhi oleh lingkungan dan sebarannya normal (Warwick *et al.*, 1994). Keragaman fenotipik sifat-sifat produksi pada ternak ditentukan oleh genetik, lingkungan atau interaksi keduanya dan tidak dapat diklasifikasikan secara tegas.

Sifat kuantitatif yang umumnya adalah sifat produksi digunakan sebagai pertimbangan untuk mengetahui mutu genetik ternak. Ekspresi fenotipik sifat produksi merupakan hasil kerja sama genetik ternak yang merupakan pemberi kemampuan dan lingkungan yang merupakan dukungan kesempatan. Ekspresi fenotipik sering kali kurang atau tidak mencerminkan sifat genetik apabila lingkungan tidak atau kurang mendukung. Keberhasilan seleksi sangat ditentukan oleh keragaman genetik yang tidak langsung dapat diamati, dan merupakan gabungan dari keragaman genetik dan keragaman lingkungan. Keragaman genetik dapat dicerminkan sepenuhnya oleh keragaman fenotipik apabila pengaruh keragaman lingkungan diabaikan, tetapi catatan produksi berdasar fenotipik tidak bebas dari keragaman lingkungan. Lingkungan yang dimaksud meliputi lingkungan internal (*maternal environment*) dan lingkungan eksternal antara lain pakan, manajemen, penyakit, iklim, dan lain-lain yang kesemuanya disebut sebagai faktor non-genetik.

### *Hadirin yang terhormat*

Identifikasi keragaman genetik antarindividu dapat dilakukan dengan mempergunakan catatan (*recording*) produksi individu maupun catatan kerabatnya. Pemanfaatan keragaman genetik melalui seleksi dan sistem perkawinan yang diusahakan secara maksimal untuk dapat tercapainya efisiensi produksi. Hasil yang ingin dicapai dalam usaha pemuliaan ternak tidak sekadar peningkatan rata-rata produksi, tetapi pada kemajuan di bidang peternakan untuk peningkatan mutu genetik ternak. Usaha perbaikan mutu genetik ternak merupakan usaha jangka panjang, memerlukan dana yang besar dan hasilnya secara kumulatif baru dapat diperoleh bertahun-tahun, bahkan puluhan tahun kemudian. Perkembangan bioteknologi saat ini telah memberikan terobosan baru

dalam mempersingkat interval generasi dalam peningkatan mutu genetik dan/atau menciptakan keragaman genetik melalui rekayasa genetika.

## **Marker Molekuler**

Hadirin yang terhormat,

Dalam pemuliaan ternak pemanfaatan bioteknologi adalah penggunaan teknologi *Deoxy Ribose Nucleic Acid* (DNA) atau marker molekuler sebagai dasar penerapan teknologi rekayasa genetik. Teknologi DNA berkembang selaras dengan perkembangan genetika molekuler yang memungkinkan kita mengkaji proses mekanisme pewarisan gen serta kelangsungannya dari generasi ke generasi pada aras molekuler. Dengan teknologi rekayasa genetika posisi suatu gen yang merupakan rangkaian molekul DNA pada kromosom secara langsung dapat diketahui melalui produk sekuensing (untuk aras nukleotida) dan penanda fluoresence pada target gen tertentu (aras kromosom). Molekul DNA yang merupakan gen yang diketahui mengontrol sifat kuantitatif (sifat produksi) disebut sebagai marker DNA, yang dapat dicari melalui proses analisis DNA dan kemudian dipergunakan pada seleksi. Seleksi dengan cara ini disebut sebagai *maker assisted selection* (MAS).

Penggunaan marker DNA pada seleksi didasarkan pada harapan bahwa marker tersebut terletak dekat dengan *quantitative trait loci* (QTL) yang diinginkan, misal QTL untuk karkas, kualitas daging, jumlah anak sepelahiran, produksi telur, produksi susu, dan sebagainya. Dengan diketahuinya marker DNA terkait dengan QTL pada berbagai ternak, maka terbuka kemungkinan untuk memanfaatkan sebagai bantuan pada seleksi secara konvensional. Keberhasilan MAS sangat tergantung pada sifat QTL, yaitu apakah pengaruh QTL terhadap sifat-sifat produksi tersebut merupakan gen mayor.

Penggunaan marker DNA didasarkan pada deteksi dengan teknologi DNA untuk mengetahui polimorfisme pada DNA target, yaitu berupa perbedaan-perbedaan atau keragaman yang dapat dideteksi berdasarkan ukuran potongan dan/atau urutan DNA target di dalam satu populasi atau antarpopulasi. Beberapa marker DNA yang sudah dikenal saat ini dapat diketahui melalui pengamatan 1) Berdasarkan metode

hibridisasi dari *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), dan *Flourensene Insitu Hybridization* (FISH); 2) Berdasarkan potongan ukuran DNA yang diamplifikasi dengan metode *Polymerase chain reaction* (PCR) menggunakan sekuen primer pengapit target sekuen, yaitu *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Randomly Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), dan PCR-RFLP; 3) Berdasarkan PCR dikombinasikan dengan sekuen spesifik DNA target, yaitu *Sequence Tagged Sites* (STS), *Sequence Characterized Amplified Regions* (SCARs), *Simple Sequence Repeats* (SSRs) atau mikrosatelit (*microsatellites*), *Variable Number of Tandem Repeats* (VNTR) atau *Minisattelites*, dan *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs). Pemilihan metode yang paling tepat dapat dipertimbangkan dengan melihat karakteristik target yang diteliti dan tujuan penggunaan marker molekuler tersebut.

### **Marker DNA Mitokondria**

Hadirin yang terhormat,

Mitokondria merupakan bagian struktur sel yang terletak di dalam sitoplasma. Pada bagian mitokondria ini terdapat material genetik yang dikenal dengan DNA mitokondria. Pola pewarisan mitokondria ini tergolong unik karena berbeda dengan tipe pewarisan DNA inti (kromosom). DNA mitokondria ini hanya diwariskan melalui jalur induk karena DNA ini hanya terdapat pada sitoplasma yang tetap dipertahankan pada saat pembentukan sel telur. Ketika terjadi proses fertilisasi untuk menghasilkan individu baru pada generasi berikutnya, sel telur dibuahi oleh sel sperma. Hasil fertilisasi ini adalah embrio yang membawa mtDNA dari sitoplasma dan kromosom haploid dari inti sel pada sel telur dan kromosom haploid dari sperma. Karena mtDNA berada pada sitoplasma dari sel telur maka pewarisan materi genetik dari mtDNA dapat digunakan untuk mempelajari garis keturunan (asal-usul) dari jalur induk.

Keragaman genetik berdasarkan sekuen mtDNA D-loop sangat bervariasi pada setiap populasi yang berbeda. Xia *et al.* (2019) melaporkan keragaman garis keturunan maternal pada populasi sapi di China, yaitu 5 grup haplotip pada *Bos Taurus* dan 2 grup haplotip pada

*Bos indicus*, yang mana grup tersebut terdeteksi pada wilayah tertentu dengan distribusi populasi yang spesifik menunjukkan asal-usul sapi, rute migrasi, dan lingkungan ekologisnya. Pada populasi unggas, keragaman genetik pada bagian mtDNA D-loop menggunakan metode PCR-RFLP dengan enzim *AfuI* dan *HaeIII* menghasilkan 6 haplotip (A, B, C, D, E, dan F) pada itik magelang, tegal, mojosari, bali, dan alabio (Purwantini *et al.*, 2013).

Analisis genetika molekuler tentang hubungan kekerabatan berdasarkan marker gen *cytochrome b* memberikan informasi kedekatan sapi madura, sapi lokal pacitan, dan sapi bali berkerabat dekat dengan banteng (*Bos javanicus*) (Cahyadi *et al.*, 2009; Cahyadi dan Hartatik, 2010), sedangkan sapi PO dari DIY dan sebagian sapi pacitan (diduga sapi PO) berkerabat dekat dengan *Bos indicus* (Hartatik *et al.*, 2009). Identifikasi haplotip pada sapi madura dengan menggunakan metode PCR-RFLP dapat mengelompokkan 2 macam haplotip (haplotip A dan haplotip B) berdasarkan dua lokus yang dikenali oleh enzim restriksi yang berbeda (*HinfI* dan *TaqI*). Frekuensi haplotip pada 2 lokasi yang berbeda menunjukkan adanya perubahan frekuensi gen (Hartatik, 2015; Hartatik *et al.*, 2013).

Keragaman genetik berdasarkan marker gen *cytochrome b* juga telah diteliti pada sapi pasundan dan sapi pacitan (Hartatik *et al.*, 2019). Keragaman genetik pada kedua sapi tersebut termasuk rendah (0,1818 untuk sapi pasundan dan 0,3778 untuk sapi pacitan) dibandingkan dengan hasil penelitian pada sapi korea yaitu berkisar antara 0,2577 sampai dengan 0,6114 (Kim *et al.*, 2013). Rendahnya keragaman haplotip pada kedua populasi tersebut dimungkinkan karena terbatasnya wilayah pengembangan dan kemungkinan terjadinya *inbreeding*. Keragaman genetik sapi PO kebumen lebih tinggi dibandingkan dengan sapi brahman, dilihat dari jumlah SNP dan haplotip pada masing-masing populasi, yaitu 36 SNP dengan 8 haplotip pada populasi sapi PO Kebumen dan 7 SNP dengan 6 haplotip pada sapi brahman (Hartatik *et al.*, 2018).

## Marker Gen Sex-determining Region Y (SRY)

*Hadirin yang terhormat,*

Gen SRY yang terletak di kromosom Y bertanggung jawab untuk menentukan jenis kelamin pada mamalia dan mengodekan protein sebanyak 204 asam amino (Hartatik, 2021). Penanda molekuler DNA pada kromosom Y dapat menggambarkan keragaman DNA inti yang menunjukkan pewarisan sifat dari garis pejantan. Penelitian tentang keragaman genetik kromosom Y pada kambing lokal antara lain kacang, marica, samosir, jawarandu, muara, dan benggala (Batubara *et al.*, 2013). Penelitian gen SRY bagian koding sekuen sepanjang 928 bp pada sapi madura dan persilangan pejantan limousin dengan induk sapi madura (Hartatik *et al.*, 2014;) dengan metode PCR-RFLP menunjukkan adanya pola potongan DNA dengan enzim restriksi *Pst*I dan *Bfa*I. Semua sampel dari sapi madura (100%) memiliki pola yang sama (monomorfik), sedangkan pada sapi hasil persilangan pejantan limousin dan induk sapi madura menunjukkan perbedaan pola pemotongan dengan enzim *Bfa*I, yaitu 68% menghasilkan 3 pita (928, 544, dan 432 bp) dan 32% menghasilkan dua pita (432 dan 544 bp). Persilangan pejantan limosin dengan induk sapi madura menghasilkan dua macam haplotip ini memberikan pembuktian bahwa terdapat pewarisan gen SRY yang berasal dari sapi limousin. Pewarisan gen dari tetua sapi madura ini tergantung dari asal sampel (Veekar *et al.*, 2003). Sapi madura yang masih asli berlokasi di Pulau Sapudi masih terjaga kemurniannya dibandingkan dengan sapi madura di Pamekasan. Persilangan pejantan dari spesies yang berbeda perlu mendapatkan perhatian untuk terus dimonitor untuk menjaga kelestariannya agar tidak terjadi kepunahan sumber bibit yang adaptif terhadap lingkungan setempat. Perbedaan urutan sekuen gen SRY berkorelasi dengan sifat reproduksi pada sapi (Cheng *et al.*, 2001). Sapi hasil perkawinan hibrid yang fertil memiliki kesamaan asam amino di atas 95% pada koding sekuen gen SRY dan tidak ditemukan hasil perkawinan hibrid yang berasal dari *subfamily Bovidae* yang hanya memiliki kesamaan asam amino kurang dari 84,7%.

Selanjutnya, penelitian pada bagian promotor gen SRY sepanjang 1281 bp pada brahman cross, persilangan pejantan wayu dengan brahman cross, bali, PO, madura, limousin, simental, dan hereford serta

nellore yang diambil dari GenBank (Hartatik *et al.*, 2018) menunjukkan perbedaan sekuen gen SRY yang dapat digunakan sebagai identifikasi bangsa sapi. Sapi bali memiliki penanda khusus (spesifik) pada 3 lokus (-966 C/G, -907 T/delesi, -402 C/T) dari 5 SNP yang ditemukan. Sapi bali yang dikembangkan pada populasi yang berbeda seperti di Indonesia telah ada pembatasan pengembangan sapi bali di Pulau Bali dan terhindar dari masuknya bangsa pejantan yang lain, berbeda dengan sapi bali di Malaysia yang telah tercampur dengan sapi zebu (Nijman *et al.*, 2013). Informasi ini sangat bermanfaat untuk perlindungan sumber daya genetik ternak asli, khususnya untuk pejantan sapi bali.

### **Marker DNA Mikrosatelit**

Hadirin yang saya muliakan,

Mikrosatelit merupakan penciri sekuen DNA dengan motif nukleotida sederhana yang tersusun berurutan (tandem). Mikrosatelit ini juga dikenal dengan sebutan *Simple Sequence Repeats* (SSRs), *Short Tandem Repeats* (STRs) atau *Variable Number of Tandem Repeats* (VNTR). DNA mikrosatelit dapat memberikan informasi alel yang berbeda pada masing-masing individu ternak, jumlah dan variasinya banyak serta menyebar hampir di semua genom (Georges *et al.*, 1993) sehingga akan memberikan kemudahan dalam analisis keragaman genetik pada tingkat DNA. Penanda mikrosatelit ini dapat digunakan sebagai marker molekuler dalam pemuliaan ternak seperti untuk mengidentifikasi ternak, penentuan garis keturunan, atau mengevaluasi sumber daya genetik pada beberapa bangsa sapi (Ciampolini *et al.*, 1995). Selain itu, DNA mikrosatelit juga digunakan dalam pengenalan antarspesies antarmamalia, sidik jari DNA, dan konservasi.

Identifikasi mikrosatelit dapat dilakukan dengan metode PCR menggunakan primer yang mengapit locus tertentu (misal INRA035, INRA063, SPS115, dan sebagainya) yang selanjutnya dilakukan pembacaan fragment (ukuran alel) dengan mesin ABI-PRISMR 3100-*Avant Genetic Analyzer* (Applied Biosystem). Ukuran alel pada setiap lokus ditentukan berdasarkan program GeneScan TM-400HD dengan *internal lane size standard*, dan dibaca dengan program

GeneMapper™ 3.5 *software* sehingga dapat diketahui ukuran sekuen mikrosatelit yang merepresentasikan keragaman genetik berdasarkan alel dan genotip setiap individu dalam suatu populasi (Hartatik, 2015). Setiap marker bisa menghasilkan satu atau lebih ukuran panjang gelombang yang berbeda. Apabila pada gambar hanya ditemukan satu macam ukuran maka dipastikan individu yang diteliti bersifat homozigot dan hanya memiliki satu macam alel. Apabila terdapat dua ukuran panjang gelombang dapat diartikan bahwa individu tersebut bersifat heterozigot. Pada setiap lokus yang diteliti dapat teridentifikasi banyak alel (*multiple allele*).

Analisis keragaman genetik berdasarkan marker mikrosatelit pada beberapa bangsa sapi antara lain sapi madura, sapi pacitan, sapi persilangan pejantan limousin dengan induk madura, sapi limousin (Hartatik, 2015), dan sapi PO pada 7 lokasi yang berbeda (Satriani *et al.*, 2002; Hartati *et al.*, 2010), menunjukkan hasil frekuensi alel dan tingkat heterozigositas yang berbeda pada setiap populasi. Jarak genetik antarpopulasi sapi dapat ditunjukkan berdasarkan analisis pohon filogenetik menggunakan data mikrosatelit. Sapi limousin (*Bos Taurus*) mempunyai jarak genetik yang paling jauh dengan bangsa sapi lokal. Introduksi sapi limousin melalui program inseminasi buatan dapat meningkatkan heterozigositas pada sapi hasil persilangannya, sehingga informasi keragaman genetik berdasarkan marker mikrosatelit ini dapat dimanfaatkan untuk memonitor program persilangan.

## **Marker untuk Sifat-Sifat Produksi**

Hadirin yang terhormat,

Penggunaan marker DNA mikrosatelit dengan teknologi PCR telah berhasil mengidentifikasi tiga macam genotip kappa-casein pada sapi potong *Japanese Black Cow*. Perbedaan genotip induk yang teridentifikasi dengan genotip AA memproduksi susu lebih banyak dibandingkan dengan induk dengan genotip AB. **Pedet yang dihasilkan dari induk dengan genotip AA menunjukkan *Average Daily Gain* (ADG) sampai umur 60 hari yang tinggi dibandingkan dengan pedet dari induk dengan genotip AA** (Yamamoto *et al.*, 1994). Penelitian lain



melaporkan pengaruh gen kappa-casein pada exonIV dengan metode PCR-RFLP menghasilkan tiga genotip AA, AB, dan BB pada sapi sahiwal dan tharparkar. Meskipun genotip AA dan AB frekuensinya lebih tinggi dibandingkan dengan genotip BB. Akan tetapi, genotipe BB menghasilkan produksi susu yang lebih baik sehingga dapat direkomendasikan untuk menyeleksi sapi yang bergenotip BB untuk meningkatkan produksi susu, tanpa mengubah jumlah populasi (Rachagani dan Gupta, 2008). Penelitian marker gen *fatty acid synthase* (FASN) rs41919985 dan FTOg.1371T>A pada sapi perah di BPTU Baturaden berpengaruh terhadap kualitas susu, yaitu persentase protein dan lemak susu. Hasil penelitian konsisten pada generasi yang berbeda, yaitu sapi dengan genotip heterosigot menunjukkan hasil yang lebih baik dibandingkan dengan genotip yang lain. Dapat disimpulkan bahwa SNPs FASN rs41919985 dan FTOg.1371T>A berpotensi digunakan sebagai penanda untuk karakteristik persentase protein susu dan persentase lemak susu (Rahayu *et al.*, 2019).

Beberapa penelitian marker molekuler yang terkait dengan sifat pertumbuhan dari sapi di Indonesia antara lain *Growth hormone* (Hartatik *et al.*, 2020; Volkandari *et al.*, 2013; Hartatik *et al.*, 2013; Sutarno, 2010; Putra *et al.*, 2016), *Melanocortin 4 Receptor* (MC4R) menunjukkan keragaman genetik pada lokus yang berbeda pada sapi bali (Pratama dan Hartatik, 2022), sapi persilangan *F1* dan *F2* (Al Bakri dan Hartatik, 2021; Pratama, 2022). Selanjutnya, leptin pada exon 2 terdapat 1 SNP, pada intron 2 juga ditemukan 1 SNP yang dapat membedakan keragaman genetik pada sapi lokal dan sapi persilangan (Anugratama dan Hartatik, 2020). *Insuline Growth Factor Binding Protein* (IGFBP3) pada sapi potong dan persilangannya ditemukan 4 macam variasi genotip (Priyadi *et al.*, 2017). Perbedaan variasi genotip tersebut dapat dijadikan sebagai marker DNA untuk pertumbuhan sapi asli, sapi lokal dan sapi persilangan. Pendekatan marker molekuler dapat digunakan untuk pengaturan perkawinan pada pemuliaan ternak, dengan tujuan untuk memperoleh bibit-bibit unggul melalui program persilangan yang terencana dengan mengatur penggunaan genotip induknya.

## Rekayasa Genetika pada Ternak

Hadirin yang saya muliakan,

Manusia sangat bergantung pada ternak untuk kebutuhan pokok sehari-hari, yaitu daging, susu, dan telur. Oleh karena itu, rekayasa genetika dan transgenesis memberikan peluang untuk menghasilkan produksi yang lebih baik dalam rentang waktu yang singkat. Perkembangan pesat di bidang bioteknologi ternak dan pemahaman yang lebih baik tentang sifat-sifat genetik yang memengaruhi kesehatan, pertumbuhan, dan reproduksi telah memberikan kontribusi terhadap perbaikan mutu ternak dan strategi pemuliaannya. Hasil pemuliaan ini berpotensi untuk membuat ternak yang lebih tahan terhadap penyakit sekaligus meningkatkan kesehatan, kesejahteraan hewan dan produksinya. Rekayasa genetika pada sapi, misalnya, dapat difokuskan pada masalah terkait resistensi penyakit (TBC), pemberantasan alergen (beta-laktoglobulin knock-out), penentuan produk (daging dari jantan dan susu dari betina), kelahiran yang spesifik jantan atau betina (jenis kelamin), pengenalan sifat-sifat yang menguntungkan (toleransi stres dan resistensi penyakit) dan kesejahteraan hewan (tanpa tanduk).

Beberapa metode rekayasa genetika yang telah berkembang antara lain, Transgenik (*pro-nuclei mikro injection, embryonic stem cell electroporation*), *somatic cell cloning (Somatic cell nuclear transfer)*, *genome editing* (*Zinc Finger Nucleases (ZFN)*; *Translation Activator-Like Effector Nucleases (TALENs)*; *MegNs (Meganucleases)*; dan *CRISPR-Cas9 (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR)/CRISPR-associated nuclease (Cas) 9*). Rekayasa genetik yang paling mengesankan adalah CRISPR dengan prinsip dasar untuk menghasilkan *guide RNA* sebagai panduan untuk target yang spesifik secara efisien dengan menggunakan alat berbasis web yang menyertainya (Singh dan Ali, 2021).

## Database GenBank

Hadirin yang saya muliakan,

Berbagai data sekuen yang terdaftar di *database* GenBank sangat bermanfaat untuk mendapatkan informasi sekuen gen dari berbagai

organisme. Informasi ini tentu saja dapat mendukung penelitian untuk identifikasi marker molekuler dan/atau rekayasa genetika, yaitu untuk memilih bagian gen yang dapat dimanfaatkan sebagai pembeda antar-organisme atau antarindividu di samping juga untuk memilih target gen yang dapat direkayasa untuk tujuan tertentu.

Perkembangan teknologi informasi menyediakan sumber data yang tanpa batas dan terus bertambah dari tahun ke tahun secara eksponensial. Demikian juga dengan jumlah *database* GenBank yang bisa diakses oleh para peneliti di seluruh dunia. Proyek GenBank dikelola oleh Intelligenetics bioinformatics company di Stanford University pada pertengahan tahun 1980. Pertama kali *database* ini dibuat pada tahun 1982 oleh Walter Goad and Los Alamos National Laboratory dan tercatat 680338 basa dengan 606 data sekuen. Pada Desember 2020, *database* GenBank telah mencapai lebih dari 723 miliar basa dan lebih dari 221 juta sekuen. Beberapa lembaga yang mengelola *database* GenBank saat ini sudah tersebar di berbagai negara dengan fokus pendataan sekuen gen yang bervariasi. Sebagai contoh, EMBL (European Molecular Biology Laboratory) yang berlokasi di enam negara (Jerman, Inggris, Prancis, Hamburg Jerman, Italia, dan Spanyol), EBI (European Bioinformatics Institute) di Inggris, NCBI (National Center for Biotechnology Information) di Amerika Serikat, DDJB (DNA Data Bank of Japan) di Jepang, CGDB (Circadian Gene *Database*) di China, APG (Australian Pastures Genebank) di Australia, dan PDBK (Plant DNA Bank) di Korea.

Selanjutnya, apa kontribusi para ahli genetika, bioinformatika, informasi teknologi di Indonesia untuk berperan aktif mengumpulkan dan menyimpan *database* GenBank khusus untuk sumber daya alam yang kita miliki? Saat ini kita baru pada taraf pemanfaatan *database* yang telah ada tersebut. Kapan kelompok peneliti di Indonesia dapat bersama-sama membangun dan memiliki *database* GenBank untuk menyimpan semua data informasi sekuen yang dihasilkan oleh para peneliti di Indonesia? Hal ini diperlukan pemikiran secara bersama-sama yang cukup matang (komprehensif) dan peran serta semua ahli yang memiliki kompetensi dalam pengembangan *database* GenBank sehingga dapat mendukung pendataan keragaman genetik sumber

daya alam yang sangat melimpah di bumi Indonesia termasuk keragaman genetik ternak di dalamnya.

Harapan ke depan, perkembangan *database* sekuen yang terdaftar pada *database* GenBank dapat meningkat secara cepat dan pada akhirnya Indonesia mampu membuat *database* GenBank khusus untuk plasma nutfah ternak di Indonesia sebagai sumber bibit untuk pengembangan pemuliaan ternak.

## **Penutup**

Hadirin yang saya muliakan,

Ilmu pemuliaan ternak terus berkembang dengan berbagai tantangan untuk berani mencoba memanfaatkan penemuan-penemuan baru sejalan dengan perkembangan teknologi termasuk genetika molekuler. Pemanfaatan marker molekuler harus diterapkan untuk memperkuat pendekatan konvensional sebagai landasan utama dalam program pemuliaan ternak. Sampai saat ini pendekatan konvensional dalam program pemuliaan ternak terbukti menunjukkan hasil yang nyata meskipun membutuhkan jangka waktu yang lama. Penggunaan teknologi yang mutakhir seperti marker molekuler akan mengakselerasi program pemuliaan jika diaplikasi dalam usaha peternakan berskala besar sehingga dapat benar-benar mendukung perbaikan mutu genetik pada industri peternakan.

Hadirin yang saya muliakan,

Pada akhir pidato pengukuhan ini, perkenankan saya memanjatkan puji syukur *alhamdulillah* ke hadirat Allah SWT, karena atas rida-Nya saya mampu menyampaikan pidato pengukuhan di mimbar Balai Senat UGM yang sangat terhormat dan bersejarah ini. Terima kasih disertai rasa hormat yang tulus saya haturkan kepada Bapak Menteri Pendidikan, Kebudayaan, Riset dan Teknologi Republik Indonesia, yang telah menetapkan saya sebagai Guru Besar per tanggal 1 Februari 2019. Terima kasih dan rasa hormat juga saya haturkan kepada Pimpinan dan Anggota Senat Akademik, Pimpinan dan Anggota Dewan Guru Besar, Bapak Rektor dan para Wakil Rektor, Pimpinan dan anggota Senat

Fakultas Peternakan, Bapak Dekan dan para Wakil Dekan Fakultas Peternakan periode 2016–2021 serta Bapak Dekan dan para Wakil Dekan Fakultas Peternakan periode 2021–2026 Fakultas Peternakan Universitas Gadjah Mada yang telah memproses dan memberikan persetujuan serta kepercayaan kepada saya untuk memangku jabatan Guru Besar dalam Bidang Ilmu Pemuliaan Ternak di Fakultas Peternakan UGM.

Penghargaan dan ucapan terima kasih yang tulus saya haturkan kepada ibu guru TK Pertiwi Diponegoro, Dungus, Wungu, Madiun, kepada bapak dan ibu guru SD Negeri Kresek 1 Madiun, kepada bapak dan ibu guru SMP Negeri Wungu Madiun dan kepada bapak dan ibu guru SMA Negeri 3 Padmanaba Yogyakarta yang telah memberikan banyak ilmu, motivasi, dan dorongan yang tidak terhingga sehingga dapat mengantarkan kehidupan akademik saya ke jenjang pendidikan tinggi sebagaimana yang saya cita-citakan. Penghargaan dan ucapan terima kasih juga saya tujukan kepada bapak ibu dosen di Fakultas Peternakan UGM dan Graduate School of Medicine Chiba University, Jepang sewaktu saya menempuh jenjang Sarjana (S1) dan Doktor (S3).

Penghargaan dan rasa terima kasih yang mendalam saya sampaikan kepada Prof. Dr. Ir. Jafendi Hasoloan Purba Sidadolog (alm) dan Prof. Dr. Ir. Tri Yuwanta, SU., DEA. (alm), selaku pembimbing tugas akhir selama menempuh jenjang Sarjana di Fakultas Peternakan UGM. Prof. Takeshi Tokuhisa, MD dan Prof. Masahiko Hatano, MD selaku promotor dan co-promotor serta Prof. Seiji Okada (saat itu sebagai *associate professor*) saat saya bergabung sebagai *research student* (tahun 1997–1998) dan dilanjutkan menempuh jenjang Pendidikan Doktor (tahun 1998–2002) di Department of Developmental Genetics, Graduate School of Medicine, Chiba University Jepang. Terima kasih saya ucapkan kepada para peneliti senior saat saya sebagai asisten peneliti (tahun 1994–1997) di PAU Bioteknologi UGM, antara lain Prof. Dr. Ir. Joedoro Soedarsono (alm) (sebagai Kepala PAU Bioteknologi); Prof. Dr. Sofia Mubarika, Ph.D. (sebagai Kalab Rekayasa Genetika); Prof. Dr. Ir. Zuprizal, DEA., IPU., ASEAN Eng. (sebagai Ketua Tim peneliti Riset Unggulan Terpadu); Prof. Dr. Sudjadi, M.S., Apt.; Dr. Nur Cahyanto; Prof. drh. Widya Asmara, SU., Ph.D.; Prof. Dr. Drh. I Wayan Tunas Artama, atas berbagi ilmu, strategi penelitian, penulisan publikasi dan

kebersamaannya selama bekerja di Laboratorium Rekayasa Genetika PAU Bioteknologi. Saya banyak belajar dari beliau sehingga menjadi bekal yang sangat berharga ketika saya menempuh program doktor di Graduate School of Medicine Chiba University, Jepang.

Penghargaan dan rasa terima kasih saya tujukan kepada Prof. Dr. Ir. Krishna Agung Santosa, M.Sc. (Dekan Fakultas Peternakan Periode 1994–2000); Dr. Hari Hartadi, M.Sc. (Wakil Dekan Bidang Akademik Periode 1994–2000); dan Prof. Dr. Ir. Maria Astuti, M.Sc. (alm) yang saat itu menjabat sebagai Kepala Laboratorium Pemuliaan Ternak Fakultas Peternakan Universitas Gadjah Mada, beliau telah memberi kesempatan dan rekomendasi kepada saya untuk menjadi dosen di Laboratorium Pemuliaan Ternak dan selalu memberikan motivasi dalam studi lanjut serta pengembangan riset, para dosen senior (Prof. drh. Wartomo Hardjosubroto, MSA.; Prof. Dr. Ir. Sumadi, M.S., IPU.; Drs. Supiyono, SU.); dan kolega di Laboratorium Genetika dan Reproduksi Ternak Fakultas Peternakan UGM (Dr. Ir. Dyah Maharani, S.Pt., M.Sc., IPM.; Ir. Galuh Adi Insani, S.Pt., M.Sc., IPM.; Ir. Ahmad Fathoni, S.Pt., M.Sc., IPP; Putri Kesuma Astuti, S.Pt., M.Sc.) serta bapak ibu dosen di Departemen Pemuliaan dan Reproduksi Ternak di Fakultas Peternakan UGM atas kerja sama, dukungan dan kebersamaannya selama ini. Terima kasih kepada *reviewer* naskah pidato ini yaitu, Prof. Dr. Ir. Muladno, MSA., IPU; Prof. Dr. Ir. Zuprizal, DEA., IPU., ASEAN Eng.; dan Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc. yang telah meluangkan waktu untuk memberikan masukan pada naskah pidato ini.

Terima kasih kepada para tenaga kependidikan Fakultas Peternakan dan Kantor Pusat UGM yang telah mengadministrasikan proses usulan ke jabatan guru besar. Terima kasih juga kepada para Dosen Fakultas Peternakan UGM atas diskusi, ilmu, kearifan, dan persahabatannya. Mohon maaf tidak saya sebut satu persatu agar tidak ada yang terlewat.

Terima kasih yang tak terhingga dan doa secara khusus kepada kedua orang tua saya, Bapak Sutomo (alm) dan Ibu Yatimah atas kesabaran, kasih sayang, nasihat, dan dukungannya untuk mendapatkan pendidikan yang tinggi. Saya menyadari apa yang saya raih hari ini, menjadi Guru Besar di UGM adalah wujud dari rangkaian doa yang

mereka panjatkan kepada Allah SWT. Saya berdoa kepada Allah SWT agar mengampuni dosa dan khilaf mereka dan memasukkan mereka ke dalam surga-Nya. *Aamiin*. Saya sangat berterima kasih yang tak terhingga kepada suami saya tersayang, Nugroho Indratmoko, S.T., M.T. yang selalu mendampingi dengan penuh keikhlasan, selalu memberi motivasi untuk menjadi lebih baik dalam beribadah, berkarier, dan dalam kehidupan berumah tangga. Terima kasih juga saya haturkan kepada Bapak mertua H. Drs. Dahlan Nawawi Sutrisno, M.Si. dan Ibu mertua Endang Winaryati, S.Si., atas doa-doa dan dukungannya selama ini.

Di hari yang membahagiakan ini, perkenankan saya mengucapkan terima kasih yang tak terhingga kepada kakak kandung saya (mas Sunandar, mbak Widayati, Ir. Sugiarto, dan Ir. Prayitno), kakak ipar dan adik ipar, keponakan serta seluruh kerabat (mohon maaf tidak saya sebut satu persatu) atas doa dan restunya.

Akhir kata, kepada seluruh hadirin yang telah dengan sabar dan menyimak dan mendengarkan pidato pengukuhan saya, baik yang berada di Balai Senat Universitas Gadjah Mada maupun yang mengikuti secara daring di mana pun hadirin berada, saya ucapkan *Jazakumullah khairan*.

*Wassalamualaikum Warahmatullah Wa Barakaatuh.*

## DAFTAR PUSTAKA

- Alberto et al. 2018. “Convergent Genomic Signatures of Domestication in Sheep and Goats.” *Nature Communications*. 9(813).
- Batubara, A., R.R. Noor, A. Farajallah, dan B. Tiesnamurti. 2013. “Keragaman Genetik DNA Y- Kromosom pada Enam Rumpun Kambing Lokal Indonesia”. Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner 2013: 316–325.
- Cahyadi, M., W.T. Artama, dan **T. Hartatik**. 2009. “Genetic Polymorphism of mtDNA Cytochrome b in Indonesian Domestic Cattle”. *Proceeding ICBS2009*. Advance in Biological Science: Respect to Biodiversity from Molecular to Ecosystem for Better Human Prosperity”. Faculty of Biology UGM Yogyakarta, October 2009. 109–144.
- Cahyadi, M. dan **T. Hartatik**. 2010. “Phenotype and Phylogenetic Studies of Local Cattle Pacitan Distric, East Java, Indonesia”. *Proceedings The 5<sup>th</sup> ISTAP 2010: Community Empowerment and Tropical Animal Industry*. Faculty of Animal Science UGM Yogyakarta. 572–577.
- Gaunitz C., A. Fages, K. Hanghoj, et al. 2018. Ancient Genomes Revisit the Ancestry of Domestic and Przewalski’s Horses”. *Science*. 360: 111–4.
- Georges, M., R. Drinkwater, T. King, D. Nielsen, and L.S. Sargeant. 1993. “Microsatellite Mapping of Gene Affecting Horn Development in Bos Taurus”. *Nature Genet*. 4: 206–210.
- Hakim, L., Suyadi, Nuryadi, T. Susilawati, dan A. Nurgiartiningsih. 2008. “Pengembangan Sistem Manajemen Breeding Sapi Bali”. *Sains Peternakan*. 6(1): 9–17.



- Hartati, Sumadi, dan **T. Hartatik**. 2010. “Keragaman Morfologi dan Diferensiasi Genetic Sapi Peranakan Ongole di Peternakan Rakyat”. *JITV*. 15(1): 72–80.
- Hartatik, T.**, Seiji Okada, Shinichiro Okabe, Masafumi Arima, Masahiko Hatano, Takeshi Tokuhisa. 2002. “Binding of BAZF and Bc16 to STAT6-binding DNA Sequences”. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 284(1): 26–32.
- Hartatik, T.**, T.S.M. Widi, and M. Cahyadi. 2009. “Analysis Polymorphism Gen in Cattle by DNA Sequencing”. *Proceeding of Biotechnology International Conference, Biotechnology for Better Life*. Institut Teknologi Bandung, 15–16 Juni 2009.
- Hartatik, T.** 2021. *Dasar Analisis Genetik pada Kambing dan Domba*. Gadjah Mada University Press.
- Hartatik, T.**, D. Maharani, J.H.P. Sidadolog, A. Fathoni, and Sumadi. 2018. “Haplotype Diversity of Partial Cytochrome b Gene in Kebumen Ongole Grade Cattle”. *Tropical Animal Science Journal*. 41(1): 8–14.
- Hartatik T.**, D.N.H. Hariyono, and Y. Adinata. 2019. “Genetic Diversity and Phylogenetic Analysis of Two Indonesian Local Cattle Breeds based on Cytochrome b Gene Sequences”. *Biodiversitas*. 20(1): 17–22.
- Hartatik, T.** 2015. *Analisis Genetika Molekuler Sapi Madura*. Gadjah Mada University Press.
- Hartatik, T.**, S.D. Volkandari, Sumadi, and Widodo. 2013. “The Application of Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR-RFLP) to determine Genetic Diversity in Madura Cattle in Sapudi Island”. *Indonesian Journal of Biotechnology*. 18(1): 70–74.
- Hartatik, T.**, T.S.M. Widi, S.D. Volkandari, D. Maharani, and Sumadi. 2014. “Analysis of DNA Polymorphism in SRY Gene of Madura Cattle Population”. *Procedia Environmental Sciences*. 20: 365–369.

- Hartatik, T.**, D.A. Priyadi, A. Agus, S. Bintara, I G.S. Budisatria, Panjono, B.P. Widyobroto, and Y. Adinata. 2018. “SRY Gene Marker Differences in Native and Crossbreed Cattle”. *Buletin Peternakan*. 42(3):179–183.
- Hartatik, T.**, A. Fathoni, S. Bintara, Ismaya, Panjono, B.P. Widyobroto, A. Agus, I.G.S. Budisatria, and P. Leroy. 2020. “Short Communication: The Genotype of Growth Hormone Gene that Affects the Birth Weight and Average Daily Gain in Crossbred Beef Cattle”. *Biodiversitas*. 21(3): 941–945.
- Hartatik T.**, S.D. Volkandari, D. Maharani, M.P. Rachman, and Sumadi. 2013. “Polymorphism leu/Val of Growth Hormone Gene Identified from Limousin Cross Local Cattle in Indonesia”. *Procedia Environ Sci*. 17: 105–108.
- Humberto, A., H. Minervino, Z. Marco, D. Vecchio, and A. Borghese. 2020. “Bubalus Bubalis: A Short Story”. *Front. Vet. Sci*. 01 December 2020
- Ismail, M.I, F.A. Zainalabidin, A.S. Akil, M.H. Mail, Z. Ismail, A.W. Haron, and A.M. Othman. 2018. “Production and Growth Performance of Malayan Gaur x Cattle Hybrid (Selembu) in Malaysia”. *Advancements in Life Sciences*. 6(1): 19–23.
- Kim, J.H., M.J. Byun, M.J. Kim, S.W. Suh, Y.G. Ko, C.W. Lee, K.S. Jung, E.S. Kim, D.J. Yu, W.H. Kim, and S.B. Choi. 2013. “mtDNA Diversity and Phylogenetic State of Korean Cattle Breed, Chikso”. *Asian-Aust J Anim Sci*. 26: 163–170.
- Librado, P., A. Fages, C. Gaunitz, et al. 2016. “The Evolutionary Origin and Genetic Makeup of Domestic Horses”. *Genetics*. 204: 423–34.
- Mohamad, K., M. Olsson, T. Helena, A. Van Tol, S. Mikko, B.H. Vlamings, G. Andersson, H. Rodri’guezMartí’nez, B. Purwantara, R.W. Paling, B. Colenbrander, and J.A. Lenstra. 2009. “On the Origin of Indonesian Cattle”. *Plos ONE*. 4(5): 1–6.
- Nijman, I.J., M. Otsen, E.L.C. Verkaar, C. de Ruijter, E. Hanekamp, J.W. Ochieng, S. Shamshad, J.E.O. Rege, O. Hanotte, M.W. Barwegen, T. Susilawati, and J.A. Lenstra. 2003. “Hybridization of Banteng (*Bos javanicus*) and Zebu (*Bos indicus*) revealed by

Mitochondrial DNA, Satellite DNA, AFLP and Microsatellites”. *Heredity*. 90: 10–16.

- Outram, A.K., N.A. Stear, R. Bendrey, S. Olsen, A. Kasparov, V. Zaibert, N. Thorpe, and R.P. Evershed. 2009. “The Earliest Horse Harnessing and Milking”. *Science*. 323: 1332–5.
- Perdana, Y.C. and **T. Hartatik** 2022. “Restriction Mapping of MC4R Gene on Bali Cattle (*Bos sondaicus*) as Genetic Marker for Breeding Program in Compared to *Bos taurus* and *Bos indicus*”. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*. 7(2): 10–17.
- Purwantini, D., T. Yuwanta, **T. Hartatik**, and Ismoyowati. 2013a. “Morphology and Genetic Diversity of Mitochondrial DNA D-loop Region using PCR-RFLP Analysis in Magelang Duck and Other Native Duck”. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture*. 38(1): 1–9.
- Purwantini, D., T. Yuwanta, **T. Hartatik**, and Ismoyowati. 2013b. “Polymorphism of Mitochondrial DNA D-loop Region and Pylogenetic in Five Indonesian Native Duck Population”. *Poultry Science*. 12: 5563.
- Putra, D.E., Sumadi, T. Kanazawa, and **T. Hartatik**. 2016. “Short Communication: Identification of Growth Hormone Gene Polymorphism for Beef Cattle in Pesisir Selatan District, West Sumatra, Indonesia”. *Biodiversitas*. 17(2): 711–715.
- Rachagani, S. and I.D. Gupta. 2008. “Bovine Kappa-casein Gene Polymorphism and Its Association with Milk Production Traits”. *Genetics and Molecular Biology*. 31(4): 893–897.
- Rahayu, A.P., **T. Hartatik**, A. Purnomoadi, and E. Kurnianto. 2019. “Access Association of Single Nucleotide Polymorphisms in the Fatty Acid Synthase, LOC514211, and Fat Mass and Obesity-associated Genes with Milk Traits in Indonesian-Holstein Dairy Cattle”. *Vet World*. 12: 1160–1166.
- Satriani, N., Farajallah, dan Muladno. 2002. “Keragaman Genetik Sapi Peranakan Ongole (PO) berdasarkan Uji DNA Mikrosatelit”. *Media Peternakan*. 25(3): 84–92.

- Singh, P. and S.A. Ali. 2021. “Impact of CRISPR-Cas9-Based Genome Engineering in Farm Animals”. *Veterinary Science*. 8(122).
- Sutarno. 2010. “Genetic Variations among Indonesian Native Cattle Breeds based on Polymorphism Analysis in the Growth Hormone Loci and Mitochondrial DNA”. *Biodiversitas*. 11: 1–5.
- Sudjadi, Zuprizal, M.N. Cahyanto, and **T. Hartatik**. 1996. “Cloning of the Escherichia coli dapD Gene via Fragment Amplification”. *Indonesian Journal of Biotechnology*. 1(2).
- Takamori, M., M. Hatano, M. Arima, A. Sakamoto, L. Fujimura, **T. Hartatik**, T. Kuriyama, and T. Tokuhisa. 2004. “BAZF is required for Activation of Naive CD4 T Cells by TCR Triggering”. *International Journal of Immunology*. 16(10): 1439–1449.
- Van der Waaij, K.O.L. 2014. *Textbook Animal Breeding and Genetics*. WUR, Netherland.
- Verkaar, E.L., H. Vervaecke, C. Roden, L. Romero Mendoza, M.W. Barwegen, et al. 2003. “Paternally Inherited Markers in Bovine Hybrid Populations”. *Heredity*. 91: 565–569.
- Volkandari, S., **T. Hartatik**, and Sumadi. 2013. “Growth Hormone (GH) Gene Polymorphism of Limura Cattle”. “Buletin Peternakan”. 37(2): 67–73.
- Widi, T.S.M. and **T. Hartatik**. 2009. *The Characteristic and Performances of Sonok Compared to Karapan Cows as Important Consideration for Conservation of Madura Cattle*. Tropentag, Hamburg.
- Xia, X., K. Qu, G. Zhang, Y. Jia, Z. Ma, X. Zhao, Y. Huang, H. Chen, B. Huang, and C. Lei. 2019. “Comprehensive Analysis of the Mitochondrial DNA Diversity in Chinese Cattle”. *Animal Genetics*. 50(1): 70–73.
- Yamamoto, T., K. Shimada, M. Takahashi, T. Tabata, N. Take Nouchi, K. Ahshima, A. Kikkawa, O. Nakayama, and M. Kosugiyama. 1994. “Genotype Effect of K-casein on Milk Performance in Japanese Black Cows”. *Animal Science and Technology*. 65: 11–19.

Zhang, K., J.A. Lenstra, S. Zhang, W. Liu, and J. Liu. 2020. “Evolution and Domestication of the Bovini Species”. *Animal Genetics*. 51(5): 637–657.

## RIWAYAT HIDUP



Nama : Prof. Ir. Tety Hartatik, S.Pt., Ph.D.,  
IPM.

Pangkat/Jabatan : Pembina Utama Muda/IVc

NIP/NIDN : 196903101999032001/0010036904

TTL : Madiun, 10 Maret 1969

Alamat Rumah : Taman Mutiara No. 6, Jl. Kledokan  
IV, Caturtunggal, Depok, Sleman,  
Yogyakarta, 55283

Alamat Kantor : Fakultas Peternakan Universitas Gadjah Mada. Jl. Fauna  
No. 3, Bulaksumur, Yogyakarta

Telepon Kantor : (0274) 513363

Email : tety@ugm.ac.id

Suami : Nugroho Indratmoko, S.T., M.T.

### Riwayat Pendidikan

1982–1976	SD Negeri Kresek 1 Madiun, Jawa Timur
1985–1982	SMP Negeri Wungu Madiun, Jawa Timur
1988–1985	SMA Negeri 3 Yogyakarta
1994–1988	Fakultas Peternakan, UGM
2002–1998	Graduate School of Medical Science, Chiba University, Jepang

## Pengalaman Manajerial

2008–2006	Asisten Wakil Dekan Bidang Akademik dan Kemahasiswaan, Fakultas Peternakan UGM
2010–2009	Ketua Tim Taskforce Penjaminan Mutu Program Studi Sarjana (S1), Kantor Jaminan Mutu, UGM
2011–2010	Ketua Tim Taskforce Penjaminan Mutu Program Studi Magister (S2), Kantor Jaminan Mutu, UGM
2012–2011	Ketua Tim Taskforce Penjaminan Mutu Program Studi Doktor (S3), Kantor Jaminan Mutu, UGM
2015	Ketua Tim Taskforce Akreditasi Internasional, Kantor Jaminan Mutu, UGM
2010–2006	Sekretaris Departemen Produksi Ternak
2016– Sekarang	Ketua Departemen Pemuliaan dan Reproduksi Ternak
2019–2016	Ketua Tim Taskforce Center of Excellence Pengembangan Sapi Potong
2019–2016	Sekretaris Komisi I, Senat Fakultas Peternakan
2021–2019	Ketua Komisi I, Senat Fakultas Peternakan
2022	Ketua Komite Kurikulum Fakultas Peternakan
2022	Sekretaris Komisi III, Senat Fakultas Peternakan

## Penghargaan

2003	Dosen Teladan III, UGM
2012	Satyalancana Karya Satya X, Presiden RI
2012	Elisa Award, UGM Kategori Komunitas Terpopuler dan Komunitas Terlengkap untuk Matakuliah Genetika
2014	Dosen Berprestasi II UGM
2014	Best Presenter on Agriculture Seminar, Sustain Society Japan
2019	Satyalancana Karya Satya XX, Presiden RI

**Karya Buku/Perolehan HAKI**

<b>No.</b>	<b>Judul Buku</b>	<b>Tahun</b>	<b>Penerbit</b>	<b>HAKI/No. P/ID</b>
1	Panduan Praktikum Analisis Gen MC4R ISBN: 978-623-236-245-1	2022	Pustaka Pelajar	-
2	Dasar Analisis Genetik pada Kambing dan Domba ISBN: 978-602-386-181-1	2021	UGM Press	000298776
3	Pendekatan Praktis Deteksi Polimorfisme DNA Sapi Aceh ISBN: 978-602-386 090-6	2016	UGM Press	083274
4	Analisis Genetika Molekuler Sapi Madura ISBN: 978-979-420-992-9	2015	UGM Press	083285
5	Analisis Genetik Ternak Lokal ISBN: 979-420-922-8	2014	UGM Press	083275

**Daftar Penelitian**

<b>No.</b>	<b>Tahun</b>	<b>Judul Penelitian</b>	<b>Status</b>	<b>Sumber Dana</b>
1	1994	Pengaruh Protein Rendah terhadap Penampilan Ayam Kampung Hasil Persilangan Ayam Legund dan Normal	Skripsi	Mandiri
2	1994–1997	Pembentukan DNA Rekombinan untuk Ayam Transgenik Penghasil Lisin	Asisten Peneliti	RUT
3	1997–2002	Binding of BAZF and Bcl6 to STAT6-binding DNA Sequences	Research Student, Ph.D.	Monbusho, Japan



No.	Tahun	Judul Penelitian	Status	Sumber Dana
4	2006	Monitoring Genetics Introgression of Exotic Breed to Ongole Crossbred in Indonesia	Peneliti Utama	Indonesia Toray Science Foundation
5	2009	Eksplorasi Sumber Daya Genetik dan Produksi Sapi Madura	Peneliti Utama	UGM dan Research Facilities for DNA Analysis Tokyo University
6	2008	Sebaran Populasi Sapi Potong di Pulau Jawa dan Sumatera	Anggota Peneliti	Asosiasi Pengusaha Feedlot Indonesia (APFINDO)
7	2010	Analisis Keragaman Genetik <i>Meat Tenderness</i> dan <i>Marbling</i> pada Sapi Bali ( <i>Bos Sondaicus</i> )	Anggota Peneliti	Hibah Program Doktor, DP2M Ditjen Dikti Kemendiknas
8	2010	Pemanfaatan Teknologi DNA untuk Analisis Genetik Sapi Lokal	Peneliti Utama	Faculty of Animal Science
9	2011	Estimasi Potensi Pembibitan Sapi Potong di Kabupaten Gunung Kidul Daerah Istimewa Yogyakarta	Anggota Peneliti	Dana Masyarakat Fakultas Peternakan UGM dan Lab. Pemuliaan Ternak Fakultas Peternakan UGM

No.	Tahun	Judul Penelitian	Status	Sumber Dana
10	2012	Identifikasi Keragaman Genetik Babi Lokal Berdasarkan Marker Molekuler pada Lokus Cytochrome B	Peneliti Utama	Program Pascasarjana Fakultas Peternakan UGM dan Lab. Pemuliaan Ternak Fakultas Peternakan UGM
11	2012	Deteksi Polymorphism Gen Albino (MCRI) dengan Melihat Pola Warna, Genotyping, dan Frekuensi Gen Pada Kerbau	Peneliti Utama	Penelitian Kolaborasi Dosen Mahasiswa, BOPTN
12	2012	Karakteristik Eksterior dan Performan Ternak Kerbau di Kabupaten Sukoharjo Provinsi Jawa Tengah	Peneliti Utama	Penelitian Kolaborasi Dosen Mahasiswa, BOPTN
13	2013	Asosiasi Gen Hormon Pertumbuhan Terhadap Sifat Pertumbuhan Pedet dan Produksi Induk Sapi Perah di Balai Besar Pembibitan Ternak Unggul Baturraden	Peneliti Utama	Hibah Penelitian Pascasarjana Fakultas Peternakan UGM
14	2013	Pengembangan Metode Analisis DNA di Laboratorium Pemuliaan Ternak sebagai Ujung Tombak dalam Peningkatan Kualitas Pembelajaran dan Identifikasi Plasma Nutfah Ternak di Indonesia	Peneliti Utama	UPR Lab. Pemuliaan Ternak Fakultas Peternakan UGM

No.	Tahun	Judul Penelitian	Status	Sumber Dana
15	2014	Estimasi Nilai Pemuliaan Pejantan di Unit Pelaksanaan Teknis Dinas Balai Pengembangan Perbibitan Ternak Domba Margawati Garut Jawa Barat	Anggota Peneliti	Hibah Penelitian Fakultas Peternakan UGM
16	2015	Identifikasi dan Analisis Polimorfisme Gen MC4R serta Hubungannya dengan Sifat-Sifat Pertumbuhan Sapi Peranakan Ongole	Anggota Peneliti	Hibah Penelitian Tematik Laboratorium Fakultas Peternakan UGM
17	2015	Pola Pengembangan Agro Industri Kambing Bligon Berbasis Plasma Inti: Studi Kelayakan Pembentukan Kawasan Ekonomi Berbasis Kambing Bligon di Gunung Kidul	Anggota Peneliti	DIKTI (Penelitian Unggulan Perguruan Tinggi)
18	2015	Pengembangan Sapi Potong Unggul ( <i>Bulaksumur Name Belgian Blue Crossbred</i> ) dan Penyebarannya di Masyarakat Peternak Melalui Pola Kemitraan	Anggota Peneliti	PT Widodo Makmur Perkasa

No.	Tahun	Judul Penelitian	Status	Sumber Dana
19	2016	Pola Pengembangan Agro Industri Kambing Bligon Berbasis Plasma Inti: Studi Kelayakan Pembentukan Kawasan Ekonomi Berbasis Kambing Bligon (Lies Mira Yusiati, Kustantinah, Tety Hartatik, Ristiano Utomo)	Anggota Peneliti	Hibah PUPT Kementerian Riset Teknologi dan Pendidikan Tinggi
20	2016	Identifikasi Kemurnian Sapi Peranakan Ongole Kebumen Berdasarkan Marker Gen Cytochrome B (Cyt-b) dan Gen SRY (Tety Hartatik, Sumadi, Dyah Maharani)	Peneliti Utama	Hibah Tematik Laboratorium Fakultas Peternakan UGM
21	2016	Deteksi Single Nucleotide Polymorphism Gen Insulin-Like Growth Factor Binding Protein-3 pada Sapi Persilangan Brahman Cross dengan Wagyu dan Belgian Blue dan Hubungannya terhadap Sifat Pertumbuhan (Tety Hartatik, Sigit Bintara, Panjono, Dwi Ahmad Priya)	Peneliti Utama	PMDSU, DIKTI
22	2016	Identifikasi Marker Sifat Pertumbuhan Sapi Brahman dan Hasil Persilangan Sapi Brahman (Tety Hartatik, Sigit Bintara, Panjono, Dwi Ahmad Priyadi, Latifah)	Peneliti Utama	Hibah Penelitian Pascasarjana Fakultas Peternakan UGM

No.	Tahun	Judul Penelitian	Status	Sumber Dana
23	2017	Studi Komparasi Sekuen Marker Genetik untuk Sifat Reproduksi dan Pertumbuhan pada Kambing dan Sapi	Peneliti Utama	Hibah Program Pascasarjana Fakultas Peternakan UGM
24	2017	Identifikasi dan Analisis Polimorfisme Gen FABP4 serta Hubungannya dengan Sifat-Sifat Pertumbuhan pada Sapi Peranakan Ongole Kebumen	Anggota Peneliti	Hibah Tematik Laboratorium Program Sarjana Fakultas Peternakan UGM
25	2017	Monitoring Generasi Persilangan Sapi Belgian Blue dengan Marker Molekuler Gen Sex-Determining Region Y	Peneliti Utama	Hibah Kompetensi, Kemenristek DIKTI
26	2017	Deteksi Single Nucleotide Polymorphisme Gen Melanocortin 4 Receptor dan Hubungannya terhadap Sifat Pertumbuhan dan Feed Nutrient Intake pada Kambing Bligon	Peneliti Utama	PMDSU, Kemenristek Dikti
27	2018	Analisis Pengaruh Ekspresi Gen MyoD dan DLK1 terhadap Pertumbuhan Otot Skeletal Ayam Hasil Persilangan Ayam Lokal ( <i>Gallus Gallus domesticus</i> , Lin. 1758) Indonesia (Lanjutan 2017)	Anggota Peneliti	PMDSU, Kemenristek Dikti

<b>No.</b>	<b>Tahun</b>	<b>Judul Penelitian</b>	<b>Status</b>	<b>Sumber Dana</b>
28	2018	Genotyping Gen Leptin dan Hubungannya dengan Sifat Pertumbuhan dan Sifat Reproduksi pada Sapi Perah di BPTU-HPT Baturaden	Peneliti Utama	Hibah Tematik Laboratorium, Fakultas Peternakan UGM
29	2019	Estimasi Parameter Genetik Sifat Pertumbuhan dan Identifikasi Gen MC4R pada Sapi Peranakan Ongole di BPTU-HPT Sembawa, Kebumen dan UPT-HMT Tuban	Anggota Peneliti	Fakultas Peternakan Universitas Gadjah Mada
30	2019	Pemanfaatan Marker Molekuler Gen MC4R dan Leptin untuk Seleksi Produktifitas Kambing Bligon	Peneliti Utama	UGM, Program Rekognisi Tugas Akhir
31	2019	Deteksi Marker Molekuler (Gen IGFBP 3, Leptin dan MC4R) untuk Penanda Produktivitas Keturunan Sapi Persilangan Belgian Blue dan Wagyu	Peneliti Utama	UGM, Program Rekognisi Tugas Akhir
32	2019	Pengembangan Rekayasa Biomedik melalui Modifikasi Genetik pada Model Hewan Coba: Eksplorasi BMP2 dalam Imunoregulasi	Anggota Peneliti	Hibah Pengembangan Proposal Penelitian Multidisipliner Dana Masyarakat FK-KMK UGM

<b>No.</b>	<b>Tahun</b>	<b>Judul Penelitian</b>	<b>Status</b>	<b>Sumber Dana</b>
33	2019	Keseimbangan Energi dan Protein Kambing Bligon Periode Pertumbuhan Lepas Sapih dan Dara pada Genotip Gen Mc4r yang Berbeda	Peneliti Utama	Kementerian Riset, Teknologi, dan Pendidikan Tinggi
34	2020	Keseimbangan Energi dan Protein Kambing Bligon Periode Pertumbuhan Lepas Sapih dan Dara pada Genotip Gen MC4R yang Berbeda (Lanjutan)	Peneliti Utama	RTA, UGM
35	2020	Penerapan Marker Gen MC4R sebagai Dasar Seleksi Bibit Kambing Bligon dan Kambing Peranakan Etawah berdasarkan Sifat Pertumbuhan dan Konsumsi Pakan	Peneliti Utama	Pendanaan PTNBH, Kemenristek DIKTI
36	2020	Pemanfaatan Marker Gen Leptin dan MC4R Penanda Sifat Pertumbuhan Sapi Persilangan Belgian Blue dan Wagyu pada Umur Lepas Sapih	Peneliti Utama	RTA, UGM
37	2020	Pemanfaatan Marker Gen Melanocortin-4 Receptor (MC4R) dan Leptin untuk Sifat Pertumbuhan dan Prolifik pada Kambing Bligon dan Peranakan Etawa	Peneliti Utama	Fakultas Peternakan UGM

No.	Tahun	Judul Penelitian	Status	Sumber Dana
38	2021	Analisis Marker Gen untuk Sifat Prolifrik (GDF9) pada Kambing Bligon	Peneliti Utama	Fakultas Peternakan UGM
39	2021	Asosiasi Marka Gen Leptin terhadap Sifat Produksi dan Reproduksi Sapi Friesian Holstein di PT Ultra Peternakan Bandung Selatan	Peneliti Utama	Fakultas Peternakan UGM
40	2021	Evaluasi Grading-Up Kuda Pacu Indonesia (Studi Produktivitas, Genetik dan Pengembangannya)	Anggota Peneliti	Hibah Penelitian Pascasarjana Fakultas Peternakan UGM
41	2021	Kinerja Pertumbuhan Pascasapih Sapi pada Berbagai Porsi Darah Belgian Blue (4 dari 7)	Anggota Peneliti	Fakultas Peternakan UGM

### Kegiatan Seminar/Kunjungan ke Luar Negeri 5 tahun terakhir

No.	Kegiatan	Tempat Kunjungan/ Negara	Bulan/ Tahun
1	Penelitian Genome Editing in Vivo	Biomedical Research Center, Chiba University, Jepang	Oktober 2019
2	The 37th International Society for Animal Genetics Conference (ISAG 2019)	Lleida, Spanyol	Juli 2019
3	Penelitian Genome Editing in Vitro	Biomedical Research Center, Chiba University, Jepang	Oktober 2018



<b>No.</b>	<b>Kegiatan</b>	<b>Tempat Kunjungan/ Negara</b>	<b>Bulan/ Tahun</b>
4.	11th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP 2018)	Auckland, Selandia Baru	Februari 2018
5	Kunjungan ke Breeding Center Baldrige Wagyu	Mudgee, New South Wales, Australia	Februari 2018
6	Kunjungan ke Nottingham University	Nottingham	Juli 2017
7	The 36th International Society for Animal Genetics Conference (ISAG 2019)	Dublin, Irlandia	Juli 2017
8	Kunjungan ke Breeding Center Sapi Belgian Blue PT Fabroca dan GIGA Research Center, Liede University	Liede, Belgia	Juli 2017

